



**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS**  
**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**ESTRUTURA POPULACIONAL E INFLUÊNCIA DA  
ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E  
REPRODUTIVAS DE BÚFALOS MURRAH**

**JESSICA CRISTINA GONÇALVES DOS SANTOS**

Dissertação apresentada á Universidade Federal da Grande Dourados-UFGD como parte das exigências para obtenção do título de Mestre do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia.

Dourados - MS  
Março – 2019

**UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS**  
**FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA**

**ESTRUTURA POPULACIONAL E INFLUÊNCIA DA  
ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E  
REPRODUTIVAS DE BÚFALOS MURRAH**

**JESSICA CRISTINA GONÇALVES DOS SANTOS**

Zootecnista

Orientador: Leonardo de Oliveira Seno

Co-orientador: Rusbel Raul Aspilcueta-Borquis

Dourados - MS  
Março – 2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

S237e Santos, Jessica Cristina Goncalves Dos

Estrutura populacional e influência da endogamia em características produtivas e reprodutivas de búfalos Murrah [recurso eletrônico] / Jessica Cristina Goncalves Dos Santos. -- 2019.

Arquivo em formato pdf.

Orientador: Leonardo de Oliveira Seno.

Coorientador: Rusbel Raul Aspilcueta-Borquis.

Dissertação (Mestrado em Zootecnia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2019.

Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:

<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. bubalinos. 2. endogamia. 3. pedigree. 4. produção de leite. 5. variabilidade genética. I. Seno, Leonardo De Oliveira. II. Aspilcueta-borquis, Rusbel Raul. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

**ESTRUTURA POPULACIONAL E INFLUÊNCIA DA ENDOGAMIA EM  
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS DE BÚFALOS  
MURRAH**

por

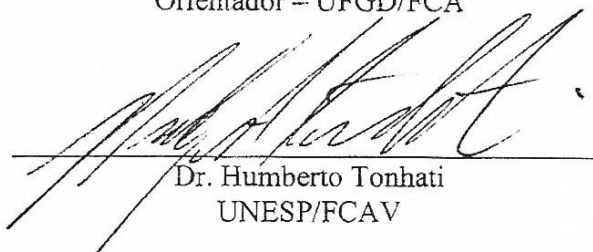
**JESSICA CRISTINA GONÇALVES DOS SANTOS**

Dissertação apresentada como parte dos requisitos exigidos para obtenção do título  
de MESTRE EM ZOOTECNIA

Aprovado em: 07/03/2019



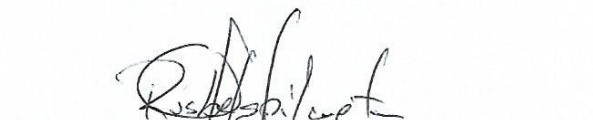
Dr. Leonardo de Oliveira Seno  
Orientador – UFGD/FCA



Dr. Humberto Tonhati  
UNESP/FCAV



Dr. Francisco Ribeiro de Araújo Neto  
IFGoiano/DZ



Dr. Rusbel/Raúl Aspilcueta Borquis  
UEGD-PV/FCA

## **BIOGRAFIA DO AUTOR**

**Jessica Cristina Gonçalves dos Santos** – nascida na cidade de Canarana-MT em 31 de Janeiro de 1995, filha de Nelson Gonçalves Constante e Marcia Terezinha dos Santos. Ingressou no curso de Zootecnia da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) no primeiro semestre de 2012, concluindo-o no segundo semestre de 2016. Em Março de 2017, ingressou no Programa de pós-graduação em Zootecnia da UFGD na área de concentração em produção animal sob orientação do professor Dr. Leonardo de Oliveira Seno, sendo neste período, bolsista CAPES.

## AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, pelo dom da vida, pela fé, pelo discernimento, por me sustentar, e pela oportunidade de chegar até aqui, sem Deus nada seria possível. A mãe Maria por me cobrir com seu Manto de amor, me guiando e protegendo de todo mal todos os dias da minha vida.

À minha família que me deu o suporte necessário e possível para eu concluir mais esta etapa da minha vida.

Ao Nélio por todo amor, apoio e paciência.

À Minnie, minha filha de quatro patas, por todo amor, parceria durante as horas de estudo a noite, sempre ao meu lado (mesmo que dormindo rsrs) e por me esperar chegar da faculdade todos os dias com sua alegria contagiante.

À Karina (gema) pela amizade que construímos durante esse percurso.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Leonardo de Oliveira Seno, pela oportunidade de ser sua orientada, incentivo mesmo conhecendo todas minhas dificuldades, pela disponibilidade para ficar em sua sala, que mesmo sendo pequena, sempre cabe mais um (rsrs). Obrigada por todos seus ensinamentos, profissionais e pessoais.

Ao meu co-orientador, Prof. Dr. Rusbel Raul Aspilcueta-Borquis por toda paciência do mundo em ensinar e por ter tido a oportunidade de conviver durante esse tempo do mestrado.

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela concessão da bolsa durante o mestrado.

Ao Programa de pós-graduação em Zootecnia, professores e técnicos por toda contribuição durante o mestrado.

## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS .....	vii
LISTA DE TABELAS .....	viii
LISTA DE ABREVIACÕES .....	ix
RESUMO .....	2
ABSTRACT .....	3
CONSIDERAÇÕES INICIAIS .....	4
CAPÍTULO I- REVISÃO DA LITERATURA.....	5
1.1. Bubalinos no Brasil.....	5
1.2. Características produtivas e reprodutivas .....	5
1.3. Estrutura populacional .....	6
1.4. Depressão endogâmica .....	7
2. OBJETIVO GERAL .....	9
2.1. Objetivos específicos .....	9
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	10
CAPÍTULO II. ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL EM BÚFALOS DA RAÇA MURRAH .....	13
RESUMO .....	13
ABSTRACT .....	14
1. INTRODUÇÃO .....	15
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	16
2.1. Origem dos dados .....	16
2.2. Análise do pedigree .....	16
2.3. Dados do pedigree .....	16
2.4. Estimacão dos parâmetros populacionais .....	16
2.5. Completude de pedigree .....	17
2.6. Coeficiente de endogamia ( $F$ ) e incremento da endogamia ( $\Delta F$ ).....	17
2.7. Tamanho efetivo ( $N_e$ ).....	17
2.8. Intervalo de gerações ( $IG$ ) .....	18
2.9. Coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ).....	18
2.10. Número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) e relação entre número efetivo de fundadores e número efetivo de ancestrais ( $f_e/f_a$ )....	18
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	19

3.1. Completude de pedigree, $\Delta F$ e $N_e$ para as gerações máximas, completas e equivalentes .....	19
3.2. Coeficiente de endogamia ( $F$ ), incremento da endogamia ( $\Delta F$ ), coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ).....	20
3.3. Número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e ancestrais ( $f_a$ ) e razão ( $f_e/f_a$ ) .....	22
3.4. Intervalo de gerações ( $IG$ ) .....	23
4. CONCLUSÕES.....	23
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	23
CAPÍTULO III. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E INFLUÊNCIA DA ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM BÚFALOS MURRAH .....	26
RESUMO .....	26
ABSTRACT .....	27
1. INTRODUÇÃO .....	28
2. MATERIAL E MÉTODOS .....	29
2.1. Análise dos dados fenotípicos, endogamia e estimação dos parâmetros genéticos .....	29
2.2. Estimação do efeito da endogamia em características produtivas e reprodutivas	31
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	31
3.1. Endogamia e estimativa dos parâmetros genéticos.....	31
3.2. Efeito da endogamia nas características produtivas e reprodutivas.....	35
4. CONCLUSÕES.....	37
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....	37
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	40



## LISTA DE FIGURAS

<b>CAPÍTULO II. ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL EM BÚFALOS DA RAÇA MURRAH .....</b>	<b>13</b>
<b>Fig 1.</b> Completude do pedigree obtida pelo cálculo de gerações máximas.....	20
<b>Fig 2.</b> Porcentagem de endogamia e de parentesco por ano de nascimento.....	21
<b>CAPÍTULO III. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E INFLUÊNCIA DA ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM BÚFALOS MURRAH .....</b>	<b>26</b>
<b>Fig 1.</b> a) Correlação entre os valores genéticos da produção de leite (VG_P305) e os valores genéticos da produção de <i>mozzarella</i> (VG_PM) e b) correlação entre o VG_P305 e a produção de proteína (VG_PP) dos 241 touros Murrah. ....	34
<b>Fig 2.</b> a) Correlação entre os valores genéticos da produção de leite (VG_P305) e os valores genéticos da produção de gordura (VG_PG) e b) correlação entre o VG_P305 e o escore de células somáticas (VG_SCS) dos 241 touros Murrah. ....	34
<b>Fig 3.</b> a) Correlação entre os valores genéticos da produção de leite (VG_P305) e os valores genéticos da idade ao primeiro parto (VG_IPP) e b) correlação entre o VG_P305 e intervalo entre parto (VG_IEP) dos 241 touros Murrah. ....	35
<b>Fig 4.</b> Efeito da endogamia na produção de leite (P305 (kg)).....	36
<b>Fig 5.</b> a) Efeito da endogamia na idade ao primeiro parto (IPP (meses)) e b) Efeito da endogamia nos valores genéticos do intervalo entre parto (IEP). ....	36

## LISTA DE TABELAS

<b>CAPÍTULO II. ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL EM BÚFALOS DA RAÇA MURRAH</b> .....	13
<b>Tabela 1.</b> Estrutura do pedigree de búfalos Murrah .....	16
<b>Tabela 2.</b> Número médio de gerações, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) para as diferentes definições de gerações.....	20
<b>Tabela 3.</b> Distribuição dos animais de acordo com o coeficiente de endogamia ( $F$ ) ....	21
<b>Tabela 4.</b> Número de indivíduos por geração ( $N$ ), coeficiente de endogamia ( $F$ ), porcentagem de indivíduos endogâmicos ( $\%End$ ), coeficiente de endogamia de indivíduos endogâmicos ( $F_{end}$ ), coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ), tamanho efetivo da população ( $N_e$ ). .....	22
<b>CAPÍTULO III. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E INFLUÊNCIA DA ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM BÚFALOS MURRAH</b> .....	26
<b>Tabela 1.</b> Estatística descritiva das características de produção de leite acumulada até 305 dias (P305), produção de gordura (PG) e proteína (PP), produção de <i>mozzarella</i> (PM), escore de células somáticas (SCS), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo entre parto (IEP) .....	30
<b>Tabela 2.</b> Componentes de (co)variância e herdabilidade estimados a partir dos 3 modelos (M1, M2 e M3) de avaliação genética de bubalinos leiteiros .....	31
<b>Tabela 3.</b> Classificação dos touros (Top 5%) para produção de leite (P305), produção de <i>mozzarella</i> (PM), produção de proteína (PP), escore de células somáticas (SCS) e idade ao primeiro parto (IPP) sem e com a inclusão da endogamia ( $F$ ) na predição dos valores genéticos.....	33

**LISTA DE ABREVIACOES**

%G – Porcentagem de gordura

%P – Porcentagem de proteina

AR – Coeficiente de parentesco medio

F – Coeficiente de endogamia

$f_a$  – Numero efetivo de ancestrais

$f_e$  – Numero efetivo de fundadores

GC – Grupo de contemporaneos

IEP – Intervalo entre parto

IPP – Idade ao primeiro parto

$N_e$  – Tamanho efetivo

P305 – Produo de leite ate 305 dias de lactao

PG – Produo de gordura

PM – Produo de *mozzarella*

PP – Produo de proteina

REML - Metodo de maxima verossimilhana restrita

SCS – Somatic cell score (escore de celulas somaticas)

VG\_IEP - Valor genetico do intervalo entre parto

VG\_IPP - Valor genetico da idade ao primeiro parto

VG\_P305 – Valor genetico da produo de leite

VG\_PM - Valor genetico da produo de

VG\_SCS - Valor genetico do escore de celulas somaticas

$\Delta F$  – Incremento da endogamia

## RESUMO

SANTOS, J. C. G. **Estrutura populacional e influência da endogamia em características produtivas e reprodutivas de búfalos Murrah**. 2019. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, 2019.

O objetivo deste estudo foi avaliar a estrutura populacional por meio de informações de pedigree, incluir a endogamia no modelo de predição a fim de estimar seu efeito sobre a avaliação de parâmetros genéticos e sua influência em características produtivas e reprodutivas de bubalinos da raça Murrah. A média da endogamia ( $F$ ) e do coeficiente de parentesco ( $AR$ ) foi de 3,22% e 5,99%. O intervalo médio de geração foi de 6,39 anos e o tamanho efetivo da população ao longo das gerações completas foi de 88,9 na primeira e de 127,5 na última geração. O número efetivo de fundadores e ancestrais foi de 28 e 22. As estimativas de herdabilidade para a P305, PP, PG, PM e IPP foram de 0,24, 0,26, 0,18, 0,25 e 0,24, respectivamente, sugerindo a possibilidade de ganho genético para essas características. Para IEP e SCS as estimativas de herdabilidade foram de 0,04 e 0,09, respectivamente, indicando maior influência de efeitos ambientais sobre estas características. A produção de leite (P305) foi estatisticamente correlacionada com a produção de *mozzarella* (PM), proteína (PP) e gordura (PG). A análise de regressão para a P305 sugere que a endogamia exerce influência negativa e significativa sobre esta característica. Neste contexto, a endogamia deve ser considerada durante o direcionamento dos acasalamentos e na seleção dos reprodutores, com o objetivo de minimizar e evitar efeitos negativos em características produtivas, além disso, manter a variabilidade genética para maximizar o progresso genético em búfalos da raça Murrah.

**Palavras-chave:** bubalinos, endogamia, pedigree, produção de leite, variabilidade genética

## ABSTRACT

SANTOS, J. C. G. **Population structure and the influence of inbreeding on productive and reproductive characteristics of Murrah buffaloes.** 2019. Dissertation (master's degree) – Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados, 2019.

The objective of this study was to evaluate the population structure through pedigree information and include inbreeding in the prediction model to estimate its effect on the evaluation of genetic parameters and their influence on productive and reproductive characteristics of Murrah buffaloes. The average inbreeding ( $F$ ) and average relatedness coefficient ( $AR$ ) were 3.22% and 5.99%, respectively. The average generation interval was 6.39 years, while the effective population size over the entire generation was 88.9 in the first and 127.5 in the last generation. The effective number of founders and ancestors was 28 and 22. The heritability estimates for P305, PP, PG, PM and IPP were 0.24, 0.26, 0.18, 0.25, and 0.24, respectively. Suggesting the possibility of genetic gain for these characteristics. For the IEP and SCS, the heritability estimates were 0.04 and 0.09, respectively, thus indicating a greater influence of environmental effects on these characteristics. A correlation was observed between milk production (P305) and production of mozzarella (MP), protein (PP) and fat (GP). The regression analysis for P305 suggests that inbreeding exerts a negative and significant influence on this trait. In this context, inbreeding should be taken into consideration during mating and breeding selection to minimize and avoid negative effects on productive characteristics to maintain genetic variability to maximize the genetic progress in Murrah buffaloes.

**Key words:** buffaloes, inbreeding, pedigree, dairy production, genetic variability

## CONSIDERAÇÕES INICIAIS

A raça Murrah é conhecida principalmente por sua aptidão leiteira. O leite de búfala possui alta concentração de gordura e proteína, que são essenciais para o aumento do rendimento dos derivados lácteos, inclusive do queijo *mozzarella*. Este apresenta alta aceitabilidade dos consumidores e é mais valorizado comercialmente.

No entanto, apesar do conhecimento das características qualitativas do leite e do alto potencial produtivo das búfalas, no Brasil os programas de melhoramento genético são realizados por poucos criadores, conseqüentemente em um número pequeno de animais. As iniciativas isoladas de programas de melhoramento fazem com que grande parte dos criadores selecionem poucos indivíduos com maior intensidade. A intensidade com que é praticada a seleção pode diminuir o tamanho efetivo populacional e aumentar a probabilidade de acasalamentos entre indivíduos consanguíneos.

Os acasalamentos entre indivíduos consanguíneos contribuem para o aumento dos lócus em homozigose e diminuem a quantidade de lócus em heterozigose, assim há uma redução da variabilidade genética e aumento da porcentagem de endogamia. Em longo prazo a endogamia pode ocasionar reduções no desempenho fenotípico de características produtivas e reprodutivas.

Uma das ferramentas utilizadas para descrever a variabilidade genética de uma população é por meio da análise de pedigree. A análise de pedigree permite o conhecimento da estrutura da população em níveis de endogamia, número efetivo de fundadores, número efetivo de ancestrais, tamanho efetivo e intervalo de gerações. O conhecimento da estrutura populacional é importante para descrever a variabilidade genética e sua evolução ao longo das gerações e dessa forma contribuir para nortear programas de melhoramento genético e aumentar o desempenho produtivo e reprodutivo de bubalinos da raça Murrah.

Neste contexto, esta dissertação é composta por três capítulos, sendo o primeiro constituído da revisão da literatura como exigido nas normas de elaboração da dissertação pelo programa de pós-graduação em produção animal da UFGD. O segundo e o terceiro capítulo redigidos em forma de artigo intitulados: Cap 2. Estudo da estrutura populacional em um rabancho de búfalos Murrah. Cap 3. Estimação de parâmetros genéticos e influência da endogamia em características produtivas e reprodutivas em búfalos Murrah.

## CAPÍTULO I- REVISÃO DA LITERATURA

### 1.1. Bubalinos no Brasil

O rebanho brasileiro de bubalinos formou-se inicialmente por poucos animais das raças Jafarabadi e Murrah (importadas da Índia) e da raça Mediterrânea (importada da Itália), na década de 1962 (SANTANA et al., 2011). Até 1970, as búfalas eram utilizadas como animais de dupla aptidão, tanto para produção de leite como para a produção de carne. Na mesma década, foram iniciadas pesquisas sobre produção, reprodução e nutrição e criadas associações regionais de búfalos com o objetivo de aprimorar os conhecimentos sobre a espécie e incentivar os produtores (RAMOS et al., 2004). Em 2016, o rebanho bubalino estava constituído de aproximadamente 1,38 milhões de cabeças distribuídas em vários estados brasileiros (IBGE, 2017).

Os bubalinos apresentam características importantes do ponto de vista zootécnico que contribuem para o interesse dos criadores, como capacidade adaptativa ao clima tropical e subtropical e a fertilidade (BORGESHE, 2005).

A raça Murrah apresenta alta aptidão leiteira, com registros de médias de produção de 1259,47±523,09 kg, 1650±659,5 kg, 1885,48±677,98, 1814,0±641,08 kg, 2218,0±408,18 (TONHATI et al., 2000; RAMOS et al., 2006; ARAÚJO et al., 2008; ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010a; BEZERRA JÚNIOR et al., 2014).

### 1.2. Características produtivas e reprodutivas

Em relação à qualidade do leite de búfalas, a alta concentração dos seus componentes, como proteína e gordura aumentam o rendimento de derivados lácteos e o torna três vezes mais caro que o leite bovino. A porcentagem média de proteína e gordura do leite de búfala relatada por Aspilcueta-Borquis et al., (2010b) foi de 4,27±0,54 e 6,84±1,35 e de 4,55±0,28 e 8,59±0,85 relatada por Rosati & Van Vleck (2002). A maior porcentagem de proteína e gordura do leite de búfala contribui principalmente para a produção do queijo *mozzarella*, que apresenta alta aceitabilidade pelos consumidores e é mais valorizado comercialmente (TONHATI et al., 2000; ROSATI & VAN VLECK, 2002; ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010a). A gordura é um dos constituintes do leite que mais influência no processamento de produtos lácteos e no sabor do produto final. Além disso, é fonte de energia, contém ácido linolênico e araquidônico que são ácidos graxos essenciais (BARROS et al., 2016). A proteína tem maior influência no rendimento da produção do queijo *mozzarella*, o aumento na

produção de *mozzarella* pode ser obtido aumentando a produção de leite e a porcentagem de proteína (ROSATI & VAN VLECK, 2002). Segundo Cazacu et al., 2014, o consumo do leite de búfalas é influenciado principalmente pelo conhecimento dos consumidores sobre os valores nutricionais do leite e qualidade dos derivados lácteos.

### 1.3. Estrutura populacional

Em um programa de melhoramento, o conhecimento do tamanho efetivo, do intervalo de geração e da variabilidade genética são parâmetros importantes, pois influenciam no progresso genético (MALHADO et al., 2008a). Todos esses parâmetros de uma população podem ser mensurados a partir de sua estrutura populacional obtida por meio da análise de pedigree (GUTIÉRREZ, et al., 2008). O conhecimento da estrutura populacional permite avaliar e nortear programas de melhoramento genético a fim de contribuir com o desenvolvimento produtivo dos rebanhos (MALHADO et al., 2008b). Para avaliar a variabilidade genética são utilizados os parâmetros baseados na probabilidade de origem de um gene, como: completude de pedigree, coeficiente de endogamia ( $F$ ), incremento da endogamia ( $\Delta F$ ), coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ), tamanho efetivo ( $N_e$ ), número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ). (BOICHARD et al., 1997).

O coeficiente de endogamia ( $F$ ) é definido como a probabilidade de dois alelos de um indivíduo serem idênticos por descendência (FALCONER & MACKAY, 1996). E o  $\Delta F$  é definido como a probabilidade de dois alelos de um indivíduo serem idênticos por descendência considerando o conhecimento do pedigree ao longo das gerações, pois corrige o coeficiente de endogamia ( $F$ ) de acordo com a profundidade do pedigree de cada animal (GONZÁLES-RECIO et al., 2007; SANTANA JR et al., 2011).

O tamanho efetivo ( $N_e$ ) descreve a contribuição efetiva de indivíduos, com a transmissão de genes para a próxima geração e que manteriam a mesma diversidade genética em seus descendentes (WRIGHT, 1931) e provocaria a mesma contribuição endogâmica da atual população estudada (GUTIÉRREZ & GOYACHE, 2005).

O coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ), - do inglês, *average relatedness coefficient* -, é definido como a probabilidade de um alelo obtido ao acaso em uma população pertencer a um determinado indivíduo, este também é interpretado como a representação do indivíduo em todo pedigree e indica a contribuição genética do indivíduo na população. Segundo Gutiérrez & Goyache (2005), as vantagens de incluir



o  $AR$  são: 1) baixo custo computacional para sua obtenção, uma vez que utiliza algoritmos comuns aos do cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco; 2) pode ser utilizado como uma medida de endogamia em toda população, pois considera os coeficientes de endogamia e parentesco; 3) pode ser utilizado como um índice para manutenção do estoque genético inicial para a seleção de indivíduos para a reprodução com menores valores de  $AR$ .

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) refere-se a animais cujos pais e mães são desconhecidos e representa a igual contribuição genética esperada dos fundadores para a formação da população e da variabilidade da população estudada (LACY, 1989).

O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) corresponde ao número mínimo de ancestrais, fundadores ou não, que explicam a diversidade genética da população estudada (BOICHARD et al., 1997). Este parâmetro complementa a informação do número efetivo de fundadores. A partir da relação entre o número efetivo de fundadores e ancestrais ( $f_e/f_a$ ) é possível identificar a perda de alelos em uma população devido à utilização de poucos reprodutores ou a redução de indivíduos de uma geração para outra, definida como “gargalo genético”. Resultados iguais ou próximos a um, não indicam gargalo genético na população.

Santana Jr et al., (2011) estudaram a estrutura populacional de búfalos Murrah entre os anos 1976 e 2008 e verificaram que o tamanho efetivo ( $N_e$ ) foi de  $40,10 \pm 1,27$ , uma média de endogamia ( $F$ ) de 2,14%, coeficiente de parentesco médio de 3,58% e número efetivo de fundadores e ancestrais de 55 e 35, respectivamente.

#### **1.4. Depressão endogâmica**

No Brasil, os programas de melhoramento genético na bubalinocultura ainda são realizados em uma base pequena de animais. No entanto, assim como em qualquer outra espécie o progresso genético deve ser monitorado, pois a seleção quando restrita para algumas características produtivas pode aumentar a intensidade de seleção e diminuir o tamanho efetivo populacional, contribuindo para uma maior probabilidade de acasalamentos entre indivíduos mais aparentados entre si (CARNEIRO et al., 2006; SANTANA et al., 2011). Além disso, para que a seleção seja eficiente são necessárias melhorias no controle leiteiro e de informações genealógicas, pois estas são essenciais para as avaliações genéticas e para aumentar o retorno econômico dos produtores (SENO et al., 2007).

A formação de rebanhos iniciada com um tamanho efetivo pequeno e sem a preocupação com acasalamentos entre indivíduos mais aparentados entre si (SILVA et al., 2001; BREDA et al., 2004), à busca pela uniformidade racial e fixação de características (QUEIROZ et al., 2000), a seleção para uma única característica (OLIVEIRA et al., 1999), e a utilização de biotecnologias reprodutivas, como inseminação artificial, transferência de embriões e fertilização *in vitro* são práticas que aumentam a intensidade de seleção e diminuem o número de animais utilizados como reprodutores (FALCONER & MACKAY, 1996) ocasionando aumento na porcentagem da endogamia e diminuição nas respostas que poderiam ser obtidas com a seleção (CARNEIRO et al., 2006; SANTANA et al., 2011).

A endogamia, definida como o aumento da homozigose ou aumento de locus em homozigose, ocorre devido ao acasalamento entre indivíduos mais aparentados entre si do que a média da população. Indivíduos com maior grau de parentesco tem maior probabilidade de compartilhar alelos idênticos por descendência e podem aumentar a quantidade de genes recessivos indesejáveis na população (OLIVEIRA et al., 1999). Com aumento da homozigose há uma diminuição da variabilidade genética, perdas no ganho genético obtido por seleção e redução de características produtivas e reprodutivas (FALCONER & MACKAY 1996; BREDA et al., 2004; SANTANA et al., 2011), também denominada depressão endogâmica (FALCONER & MACKAY 1996), que ocorre principalmente pelo aumento de genes recessivos indesejáveis ou fixação de alelos desfavoráveis (BREDA et al., 2004). Santana Jr et al., (2011) estudando uma população de búfalos da raça Murrah por meio de análise multicaracterística utilizando o modelo animal observaram uma redução na produção de leite (-4,287 kg), gordura (-0,581 kg), proteína (-0,383 kg) e *mozzarella* (-2,001 kg) e escore de células somáticas (-0,007 unidades) devido à endogamia. A principal preocupação está no fato de que a endogamia influencia de forma negativa no ganho genético, diminuindo as respostas à seleção e conseqüentemente reduzindo o desempenho produtivo e reprodutivo causando redução da lucratividade.

Os métodos utilizados para estimação dos valores genéticos podem aumentar rapidamente a endogamia de rebanhos fechados, pois animais que possuem maior parentesco entre si tem maior probabilidade de seleção como reprodutores, pois podem ter valores genéticos semelhantes (BREDA et al., 2004). Segundo Burrow (1998), é necessário que seja considerado os níveis de endogamia em programas de melhoramento para que seja evitada a seleção de parentes para a reprodução.

## **2. OBJETIVO GERAL**

O objetivo do estudo foi avaliar a estrutura populacional por meio de informações de pedigree e verificar a influência da endogamia em características produtivas e reprodutivas de bubalinos da raça Murrah.

### **2.1. Objetivos específicos**

- Avaliar a estrutura populacional do rebanho em estudo;
- Incluir a endogamia no modelo animal para a estimação de parâmetros genéticos;
- Analisar as correlações entre características de produção e reprodução;
- Verificar a influência da endogamia em características produtivas e reprodutivas.

### 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, C.V.; CARDOSO, A.M.; RAMOS, A.A. et al. Estimação de parâmetros e heterogeneidade de variâncias para produção de leite em bubalinos da raça Murrah utilizando inferência Bayesiana. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v.16, p.234-240, 2008.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; ARAÚJO NETO, F. R.; BALDI, F.; BIGNARD, A. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v.93, p. 2195–2201, 2010a.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; ARAÚJO NETO, F. R.; BALDI, F.; BIGNARD, A.B.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Genetic parameter estimates for buffalo milk yield, milk quality and *mozzarella* production and Bayesian inference analysis of their relationships. **Genetics and Molecular Research : GMR**, v.9, p.1636–1644, 2010b.

BARROS, C. C.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; FRAGA, A. B.; TONHATI, H. Genetic Parameter Estimates for Production and Reproduction Traits in Dairy Buffaloes. **Revista Caatinga**, v.29, p.216–221, 2016.

BEZERRA JR, J. S.; FRAGA, A. B.; COUTO, A. G.; BARROS, C. C.; SILVA, R. M. O. Produção de leite, duração da lactação e intervalo de partos em búfalas mestiças Murrah. **Revista Caatinga**, Mossoró, v.27, p.184-191, 2014.

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, p.5–23, 1997.

BORGHESE, A. Buffalo Production and Research. **Food Agriculture Organization of the United Nations**. <Disponível em: <http://faostat.fao.org>>. Rome, 2005.

BREDA, F. C.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, C. S.; TORRES, R. A.; CARNEIRO, P. L. S.; SARMENTO, J. L. R.; TORRES FILHO, R. A.; MOITA, A. K. F. Endogamia e Limite de Seleção em Populações Seleccionadas Obtidas por Simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.2017–2025, 2004.

BURROW, H. M. The effects of inbreeding on productive and adaptive traits and temperament of tropical beef cattle. **Livestock Production Science**, v.55, p.227–243, 1998.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; EUCLYDES, R. F.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, A. P. S.; CUNHA, E. E. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, p.84–91, 2006.

- CAZACU, S.; ROTSIOS, K.; MOSHONAS, G. Consumers' Purchase Intentions towards Water Buffalo Milk Products (WBMPs) in the Greater Area of Thessaloniki, Greece. **Procedia Economics and Finance**, v.9, p.407–416, 2014.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics, 4th ed. Longman Group Ltd., Harlow, UK. 1996.
- GONZÁLEZ-RECIO, O.; LÓPEZ de MATURANA, E.; GUTIÉRREZ, J. P. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.90, p.5744-5752, 2007.
- GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I.; MOLINA, A.; VALERA, M.; GOYACHE, F. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p.359–378, 2008.
- GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.122, p.172-176, 2005.
- INSTITUTO FUNDAÇÃO BRASILEIRA DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). Efetivos dos rebanhos em 31.12 e variação anual segundo as categorias. < <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado> > Acesso em: 05/11/18.
- LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v.8, p.111-123, 1989.
- MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; RIBEIRO AZEVEDO, D. M. M.; MARTINS FILHO, R.; SOUZA, J. C. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.43, p.215–220, 2008a.
- MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PEREIRA, D. G.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v.43, p.1163–1169, 2008b.
- OLIVEIRA, J. A.; BASTOS, J. F. P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.721–728, 1999.
- QUEIROZ, S. A. DE; ALBUQUERQUE, L. G. DE; LANZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.1014–1019, 2000.
- RAMOS A. A.; WECHSLEW, F.S.; GONGALVES, H. C.; MALHADO, C. H. M. Milk yield from Brazilian dairy buffalo cows from 1973 to 2003. **Proc. of the Seventh World Buffalo Congress**, Manila, Philippines, 20 to 23 Oct.: 578-579, 2004.

RAMOS, A.A.; MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S. et al. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.1261-1267, 2006.

ROSATI, A.; VAN VLECK, L. D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and *mozzarella* cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. **Livestock Production Science**, v.74, p.185–190, 2002.

SANTANA JR, M. L.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; BIGNARD, A.B.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Population structure and effects of inbreeding on milk yield and quality of Murrah buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v.94, p.5204–5211, 2011.

SENO, L. O.; CARDOSO, V. L.; TONHATI, H. Valores econômicos para as características de produção de leite de búfalas no estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, p.2016–2022, 2007.

SILVA, M. V. G. B.; FERREIRA, J. W.; COBUCI, J. A. GUARAGNA, G. P.; OLIVEIRA, P. R. P. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1236–1242, 2001.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M. F. C.; OLIVEIRA, J. A.; DUARTE, J. M. C. D.; FURTADO, T. P.; TSEIMAZIDES, S. P. Parâmetros Genéticos para a Produção de Leite, Gordura e Proteína em Bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.2051–2056, 2000.

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

## CAPÍTULO II. ESTUDO DA ESTRUTURA POPULACIONAL EM BÚFALOS DA RAÇA MURRAH

### RESUMO

O objetivo deste estudo foi avaliar a estrutura populacional de um rebanho de búfalos Murrah por meio de informações de pedigree. Para o estudo da estrutura populacional foi utilizado o programa ENDOG e um pedigree constituído de 16.915 animais. A média da endogamia ( $F$ ) e do coeficiente de parentesco ( $AR$ ) foi de 3,22% e 5,99%, respectivamente. O intervalo médio de geração foi de 6,39 anos e o tamanho efetivo da população ao longo das gerações completas foi de 88,9 na primeira e de 127,5 na última geração. O número efetivo de fundadores e ancestrais foi de 28 e 22, respectivamente. A média da endogamia nesta população foi baixa. No entanto, manejos reprodutivos, como a seleção de indivíduos com menor coeficiente de parentesco são necessários para evitar o aumento de acasalamentos entre indivíduos com maior grau de parentesco nesta população.

**Palavras-chave:** bubalinos, endogamia, pedigree, variabilidade genética.

## CHAPTER II. STUDY OF THE POPULATION STRUCTURE IN MURRAH BUFFALOES

### ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the population structure of a herd of Murrah buffalo by means of pedigree information. For the study of the population structure, the ENDOG program and a pedigree of 16,915 animals were used. The average inbreeding ( $F$ ) and the average relatedness coefficient ( $AR$ ) were 3.22% and 5.99%, respectively. The average generation interval was 6.39 years and the effective population size over the entire generations was 88.9 in the first and 127.5 in the last generation. The effective number of founders and ancestors was 28 and 22, respectively. The average inbreeding in this population was low. However, reproductive management, such as the selection of individuals with a lower relationship coefficient, is necessary to avoid the increase in mating among individuals with more relationship in this population

**Keywords:** buffaloes, inbreeding, pedigree, genetic variability.



## 1. INTRODUÇÃO

A raça Murrah, originária da Índia foi introduzida no Brasil mediante importações ocorridas na década de 1962 (SANTANA JR et al., 2011). Devido a sua aptidão leiteira, rusticidade e adaptabilidade, houve ampla aceitação por criadores e distribuição da raça em vários estados brasileiros (BORGESHE, 2005). A participação da raça na produção de leite aumentou nos últimos anos, principalmente pelo conhecimento da qualidade do leite em relação aos constituintes (gordura e proteína). Estes influenciam na produção do queijo *mozzarella*, que além de apresentar alta aceitabilidade pelos consumidores é mais valorizado comercialmente, representando maior retorno econômico ao produtor (TONHATI et al., 2000; ROSATI & VAN VLECK, 2002; ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010).

No entanto, o monitoramento e o manejo eficiente de acasalamentos nos rebanhos de búfalos leiteiros estão se tornando cada vez mais importantes para otimizar a lucratividade desse setor. Pois, os métodos de acasalamentos comumente usados e a ausência de um programa de melhoramento genético sólido para a espécie podem aumentar os níveis de endogamia e diminuir a variabilidade genética levando a efeitos indesejáveis sobre características fenotípicas economicamente importantes (MALHADO et al., 2012).

A variabilidade genética pode ser avaliada por meio de parâmetros que descrevem a estrutura genética de uma população, como o coeficiente de endogamia ( $F$ ), incremento da endogamia ( $\Delta F$ ), coeficiente de parentesco ( $AR$ ), número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e ancestrais ( $f_a$ ), tamanho efetivo ( $N_e$ ) e intervalo de gerações ( $IG$ ). Estes podem ser obtidos por meio da matriz de parentesco ( $A$ ), que estima as frações de alelos idênticos por descendência utilizando o pedigree (VANRADEN & SMITH, 1999).

A partir do conhecimento destes parâmetros, é possível avaliar e monitorar, bem como direcionar e implementar novos métodos de seleção que proporcionem a manutenção da variabilidade genética e dos ganhos genéticos ao longo das gerações (BOICHARD et al., 1997; GUTIÉRREZ et al., 2008; SANTANA JR. et al., 2011). Além disso, permite avaliar a endogamia, que é uma das consequências do aumento dos acasalamentos entre indivíduos que compartilham alelos idênticos por descendência e reduz a heterozigose e pode provocar perdas genéticas e em características produtivas e reprodutivas (FALCONER e MACKAY 1996; BREDA et al., 2004; SANTANA et al., 2011).

Neste contexto, o objetivo do estudo foi avaliar a estrutura populacional por meio de informações de pedigree em bubalinos da raça Murrah.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Origem dos dados

Os dados foram provenientes de rebanhos de búfalos leiteiros da raça Murrah distribuídos em seis fazendas do estado de São Paulo, Rio Grande do Norte e Pará.

### 2.2. Análise do pedigree

### 2.3. Dados do pedigree

O arquivo de pedigree utilizado nas análises incluiu registros de 16.915 animais, nascidos entre 1965 e 2017, sendo 8003 machos e 8912 fêmeas. Os animais com pai e mãe conhecidos totalizaram 14.815. A numeração sequencial de pedigree, pré-requisito para o software ENDOG, foi obtida por meio do software ANGELPED (ALAM et al., 2017). O conjunto de dados utilizado para análise da estrutura populacional foi descrito na Tabela 1.

**Tabela 1.** Estrutura do pedigree de búfalos Murrah

Número total de animais	16.915
Número total de fêmeas	8912
Número total de machos	8003
Número de touros	245
Número de matrizes	4448
Animais com apenas pai conhecido	29
Animais com apenas mãe conhecida	346
Machos com pai e mãe desconhecidos	142
Fêmeas com pai e mãe desconhecidos	603
Machos com pai e mãe conhecidos	7391
Fêmeas com pai e mãe conhecidos	7424
Animais com ambos os pais conhecidos	14.815

### 2.4. Estimação dos parâmetros populacionais

Os parâmetros populacionais foram calculados por meio do programa ENDOG v.4.8 (GUTIÉRREZ E GOYACHE, 2005), este estima parâmetros que caracterizam a estrutura populacional por meio do pedigree utilizando um conjunto mínimo de informações sobre cada animal. Os parâmetros populacionais foram analisados em termos de: completude de pedigree, coeficiente de endogamia ( $F$ ), aumento individual no coeficiente de endogamia ( $\Delta F$ ), tamanho efetivo ( $N_e$ ), intervalo de gerações ( $IG$ ), coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ), e número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e ancestrais ( $f_a$ ).

## 2.5. Completude de pedigree

A completude do pedigree foi calculada segundo Maccluer et al., (1983), pelas seguintes equações:

$$I_d = \frac{4I_{dpai}I_{dmae}}{I_{dpai} + I_{dmae}}$$

$$I_{dk} = \frac{1}{d} \sum_{i=1}^d a_i$$

em que  $k$  corresponde à linha paterna (*pat*) ou materna (*mat*) de um indivíduo,  $a_i$  é a proporção de ancestrais conhecidos na geração  $i$ , e  $d$  é o número de gerações consideradas no cálculo do pedigree completo.

A completude de pedigree também pode ser avaliada pelo cálculo do número de gerações completas, representada pelo número de gerações em que ambos os pais são conhecidos; número de gerações máximas, representada pelo número total de gerações possíveis, sejam pais conhecidos ou desconhecidos; e número de gerações equivalentes, representada por  $(1/2)^n$  em que  $n$  é o número de gerações que separam o animal de cada ancestral com um registro conhecido (Maignel et al., 1996).

## 2.6. Coeficiente de endogamia ( $F$ ) e incremento da endogamia ( $\Delta F$ )

O coeficiente de endogamia ( $F$ ) foi calculado segundo o algoritmo desenvolvido por Meuwissen & Luo (1992). E o incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) foi calculado como descrito por Falconer e Mackay (1996) e modificado por González-Recio et al., (2007) e Gutiérrez et al., (2009):

$$\Delta F = 1 - \sqrt[t]{1 - F},$$

em que  $F$  é o coeficiente de endogamia do indivíduo e  $t$  é o "equivalente gerações completas" (Maignel et al., 1996; Boichard et al., 1997).

## 2.7. Tamanho efetivo ( $N_e$ )

A partir do  $\Delta F$  foi obtido o tamanho efetivo ( $N_e$ ) para cada geração, como descrito abaixo:

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

## 2.8. Intervalo de gerações (*IG*)

O intervalo de gerações (*IG*) foi calculado segundo Falconer & Mackay (1996) por quatro caminhos distintos de seleção (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) e para toda a população.

## 2.9. Coeficiente de parentesco médio (*AR*)

O coeficiente de parentesco médio (*AR*) foi obtido a partir do algoritmo para obtenção do vetor  $c'$ , definido como:

$$c' = (1/n)1'A \dots \dots \dots [1]$$

em que a  $A$  é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM) (HENDERSON, 1976), de tamanho  $n \times n$  e  $1$  é o vetor de um, de ordem  $1 \times n$ , em que  $n$  é o número de animais. A matriz NRM pode ser obtida pela matriz  $P$ , em que  $p_{ij}$  é igual a 1 se  $j$  é pai de  $i$  e 0 caso contrário, que define os pais dos animais (QUASS, 1976). Da seguinte forma:

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

em que  $D$  é uma matriz diagonal, com elementos da diagonal não nulos, obtidos por:

$D_{ii} = 1$ , quando nenhum dos pais é conhecido;

$D_{ii} = 3/4$  quando um dos pais é conhecido; [3]

$D_{ii} = 1/2$  quando ambos os pais são conhecidos.

A partir de [2] tem-se:

$$A \left( I - \frac{1}{2P'} \right) = \left( I - \frac{1}{2P} \right) D \dots \dots \dots [4]$$

Pré- multiplicando ambos os lados de [4] por  $(1/n)1'$ , obteve-se:

$$(1/n) 1' A \left( I - 1/2P' \right) = (1/n) 1' \left( I - 1/2P \right) D$$

E a partir de [1], obteve-se:

$$c' = (1/n) 1' \left( I - 1/2P \right) D + 1/2c'P'$$

## 2.10. Número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) e relação entre número efetivo de fundadores e número efetivo de ancestrais ( $f_e/f_a$ )

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) foi obtido pela fórmula:

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

em que  $k$  é a probabilidade de origem do gene do ancestral  $q^k$ .

O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) complementa a informação do número efetivo de fundadores e foi obtido pela fórmula:

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

em que  $q_j$  é a contribuição marginal do ancestral  $j$ . Onde, a contribuição marginal refere-se à contribuição genética adicional feita por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente (BOICHARD et al., 1997).

A identificação do possível efeito gargalo na população foi obtida a partir da relação entre o número efetivo de fundadores e ancestrais ( $f_e/f_a$ ).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1. Completude de pedigree, $\Delta F$ e $N_e$ para as gerações máximas, completas e equivalentes

As médias de completude do pedigree foram de 6,09, 1,72 e 3,25 para as gerações máximas, completas e equivalentes (Tabela 2). As diferenças entre as médias das gerações completas e máximas indicam que há uma quantidade considerável de pais desconhecidos (BERNARDES et al., 2016). A quantidade de informações do pedigree para o número de gerações máximas, representada na Figura 1, mostra a diferença entre a primeira geração (animais fundadores) e a última (animais recentes). A quantidade de informações das primeiras gerações foi menor do que a quantidades das últimas gerações, provavelmente por representar os animais fundadores e ser o período de formação do rebanho, onde havia poucos registros zootécnicos. O conhecimento da completude de pedigree é importante, pois segundo Santana Jr et al., (2010), estas são determinantes para obtenção do coeficiente de endogamia ( $F$ ).

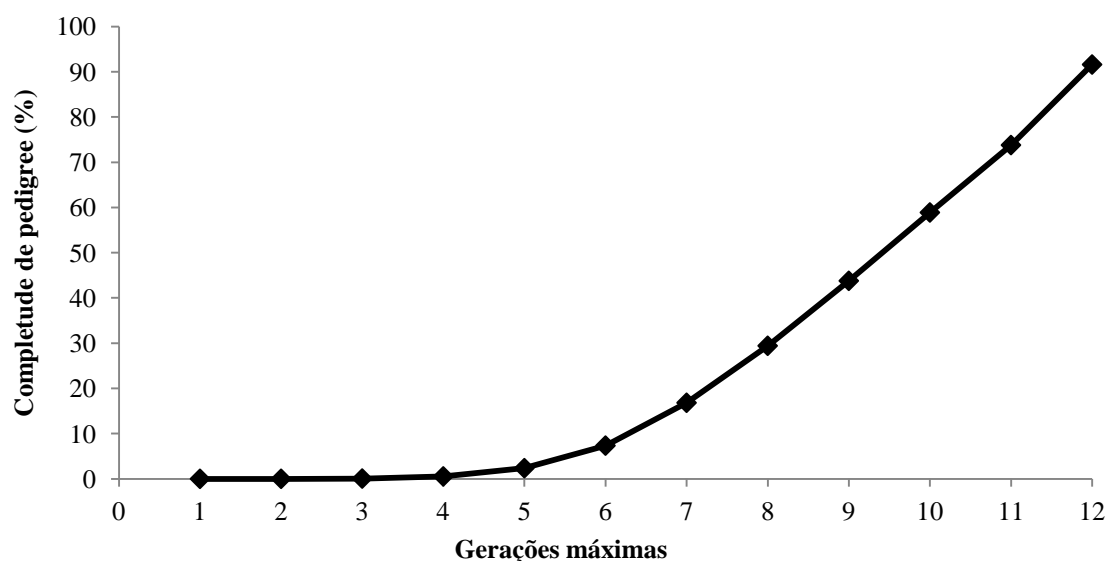


Fig 1. Completude do pedigree obtida pelo cálculo de gerações máximas

Os valores encontrados para o incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) nas gerações máximas, completas e equivalentes (Tabela 2) foram superiores a 0,14%, 0,37% e 0,26 relatados por Bernardes et al., (2016) em bovinos Tabapuã. O tamanho efetivo foi de 86,54, 20,19 e 31,68, respectivamente. O  $N_e$  calculado por gerações caracteriza de forma mais precisa a participação de indivíduos como reprodutores, principalmente quando as informações de pedigree são incompletas (GUTIÉRREZ & GOYACHE, 2005)

**Tabela 2.** Número médio de gerações, incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ ) para as diferentes definições de gerações.

Gerações	Média	$\Delta F$ (%)	$N_e$
Máximas	6,09	0,58	86,54
Completas	1,72	2,48	20,19
Equivalentes	3,25	1,58	31,68

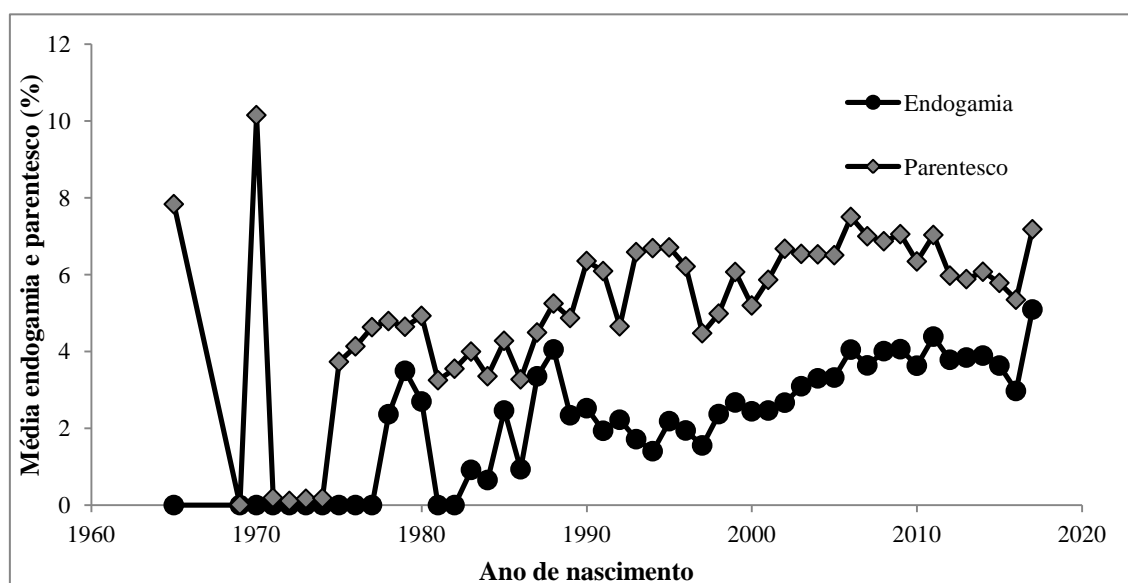
### 3.2. Coeficiente de endogamia ( $F$ ), incremento da endogamia ( $\Delta F$ ), coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ) e tamanho efetivo ( $N_e$ )

O coeficiente de endogamia ( $F$ ) da população encontrado foi de 3,22% e o coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ) foi de 5,99%. Esses valores foram superiores a média de 2,14% e 3,58% relatados para búfalos Murrah nascidos até o ano de 2009 (SANTANA et al., 2011). Isso pode ser explicado pelo maior número de informações do pedigree da análise atual. Em búfalos da raça Mediterrâneo, Teixeira Neto et al., (2012) encontraram um  $F$  e um  $AR$  de 0,34 e 0,37%, respectivamente. Em outras espécies, como em bovinos da raça Girolando, a média de  $F$  e  $AR$  foi de 0,11% e 0,13% (CANAZA-CAYO et al., 2014).

A porcentagem de  $F$  (3,22%) encontrada na população estudada ainda é considerada baixa. No entanto, apesar de baixa, o  $F$  encontrado nesse estudo foi superior aos dados relatados na literatura para búfalos e bovinos (SANTANA et al., 2011; TEIXEIRA et al., 2012; CANAZA-CAYO et al., 2014) e aumentou com o decorrer dos anos (Figura 2). Além disso, foi observado que 9350 (aproximadamente 55%) animais estudados apresentaram endogamia, e destes alguns com alta porcentagem (37,5%) de endogamia (Tabela 3). O  $AR$  de 5,99% indica tendência de aumento da homozigose dos genes idênticos por descendência nesta população em um futuro próximo, caso não seja realizado um manejo reprodutivo a fim de evitar o parentesco entre os reprodutores.

**Tabela 3.** Distribuição dos animais de acordo com o coeficiente de endogamia ( $F$ )

Número de animais	$F$ (%)	Média $F$ (%)
7565	0	0
1870	0,07 – 2,55	1,51
1875	2,56 – 4,13	3,35
1877	4,14 – 5,79	4,95
1859	5,80 – 7,95	6,75
1869	7,96 – 37,5	12,6



**Fig 2.** Porcentagem de endogamia e de parentesco por ano de nascimento.

Os resultados da endogamia também foram apresentados por geração completa (Tabela 4), pois são mais informativos que os resultados apresentados por outras gerações calculadas (BERNARDES et al., 2016). O coeficiente de endogamia ( $F$ ), a porcentagem de indivíduos endogâmicos ( $\%End$ ), a média de  $F$  para indivíduos endogâmicos ( $F_{end}$ ) e o coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ) da população estudada apresentaram um comportamento crescente entre a primeira e a quinta geração (Tabela 4). O aumento desses parâmetros pode ser consequência da utilização de poucos touros

como reprodutores. A média de  $F$  dos indivíduos endogâmicos ( $F_{end}$ ) aumentou durante as gerações, indicando que não houve preocupação com acasalamentos entre indivíduos com maior grau de parentesco. Em bovinos da raça Guzerá, Peixoto et al., (2010) também encontraram aumento em  $F$  e em  $AR$  nas gerações avaliadas.

O tamanho efetivo da população na primeira geração foi de 88,9 e de 127,5 na quinta geração. No entanto, nas gerações dois, três e quatro o tamanho efetivo variou de 12,7 a 32,7 (Tabela 4). Segundo a FAO (2007) o tamanho efetivo de uma população é considerado crítico quando este é inferior a 50 animais por geração. Portanto, nesta população é importante estratégias de reprodução que evitem a intensa utilização de poucos reprodutores para manter um tamanho efetivo que reduza os acasalamentos entre indivíduos aparentados e aumentem a variabilidade genética da população.

**Tabela 4.** Número de indivíduos por geração ( $N$ ), coeficiente de endogamia ( $F$ ), porcentagem de indivíduos endogâmicos ( $\%End$ ), coeficiente de endogamia de indivíduos endogâmicos ( $F_{end}$ ), coeficiente de parentesco médio ( $AR$ ), tamanho efetivo da população ( $N_e$ ).

Gerações completas	$N$	$F$ (%)	$\%End$	$F_{end}$ (%)	$AR$	$N_e$
0	2100	0	-	-	1,5	-
1	5668	0,56	10	5,62	4,15	88,9
2	4899	4,46	92,57	4,82	7,38	12,7
3	3390	6,64	100	6,64	8,95	21,9
4	847	8,07	100	8,07	9,59	32,7
5	11	8,43	100	8,43	10,04	127,5

### 3.3. Número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e ancestrais ( $f_a$ ) e razão ( $f_e/f_a$ )

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) contribuintes com a variabilidade genética da população estudada foi de 28 e o incremento de endogamia causado pela contribuição desbalanceada de fundadores foi de 1,46%. Estes resultados indicaram que um pequeno número de indivíduos foram utilizados como reprodutores. O número efetivo de fundadores relatado por Malhado et al., (2012) em búfalos Murrah foi de 60 animais, com contribuição de 0,48% no incremento da endogamia. Bernardes et al., (2016) identificaram um número efetivo de fundadores de 124 para a população de bovinos Tabapuã.

O número de ancestrais que contribuíram para a população foi de 980. O número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) foi de 22 animais, destes, apenas oito explicaram 50% da variabilidade genética de toda a população. Malhado et al., (2012) encontrou um número efetivo de ancestrais de 36, com 17 ancestrais explicando 50% da variabilidade genética e uma razão  $f_e/f_a$  de 1,66 em búfalos Murrah. A razão entre o número efetivo de fundadores e ancestrais ( $f_e/f_a$ ) neste estudo foi de 1,27, indicando que a variabilidade genética dessa população ainda não foi afetada por um gargalo genético. Em bovinos



Guzerá, Peixoto et al., 2010 encontraram uma razão de 3,15, indicando um gargalo genético para esta população devido a intensa utilização de poucos indivíduos como reprodutores.

### 3.4. Intervalo de gerações (IG)

O intervalo de gerações para as quatro passagens gaméticas pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha foram de  $7,16 \pm 0,30$ ,  $6,81 \pm 0,05$ ,  $6,60 \pm 0,24$  e  $5,93 \pm 0,05$ , respectivamente. As maiores médias observadas para intervalos de gerações para pai-progênie (pai-filho, pai-filha) pode ser explicado pela contínua utilização de touros no rebanho. O intervalo médio de geração encontrado foi de 6,39 anos. Esse intervalo foi inferior ao relatado por Santana Jr et al., (2011) (6,89 anos) para a raça Murrah. Em bovinos, intervalo de geração de 7,48 anos foi observado por Peixoto et al., (2010) para a raça Guzerá e de 8 anos foi relatado por Faria et al., (2009) para raças zebuínas. A principal consequência de intervalos de gerações muito longos é a redução dos ganhos genéticos.

## 4. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos por meio de parâmetros populacionais nesta população de búfalos indicaram que poucos indivíduos representam toda a população. A endogamia encontrada apesar de ser considerada baixa, aumentou durante os anos, assim como houve o aumento na porcentagem de indivíduos endogâmicos. Portanto, durante o direcionamento dos acasalamentos e na seleção dos reprodutores, a endogamia deve ser considerada com o objetivo de manter a variabilidade genética para maximizar o progresso genético nas gerações futuras. Além disso, minimizar possíveis efeitos negativos em características produtivas e reprodutivas.

## 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALAM, M.; MI NA, P.; GWON, D. C.; SIDONG, K. AngelPedTK- An efficient toolkit for comprehensive animal pedigree management. **Journal of Animal Breeding and Genomics**, v.1, p.143-150, 2017.

ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; ARAÚJO NETO, F. R.; BALDI, F.; BIGNARD, A. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v.93, p. 2195–2201, 2010.

BERNARDES, P. A.; GROSSI, D. A.; SAVEGNAGO, R. P.; BUZANSKAS, M. E.; RAMOS, S. B.; ROMANZINI, E. P.; GUIDOLIN, D. G. F.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. 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, p.5–23, 1997.

BORGHESE, A. Buffalo Production and Research. **Food Agriculture Organization of the United Nations**. Disponível em: <<http://faostat.fao.org>>. Rome, 2005.

BREDA, F. C.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, C. S.; TORRES, R. A.; CARNEIRO, P. L. S.; SARMENTO, J. L. R.; TORRES FILHO, R. A.; MOITA, A. K. F. Endogamia e Limite de Seleção em Populações Seleccionadas Obtidas por Simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, p.2017–2025, 2004.

CANAZA-CAYO, A. W.; LOPES, P. S.; SILVA, M. V. G. B.; COBUCI, J. A.; TORRES, R. A.; MARTINS, M. F.; ARBEX, W. A. Estrutura populacional da raça Girolando Population structure of Girolando breed. **Ciência Rural, Santa Maria**, v.44, p.2072–2077, 2014.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics, 4th ed. Longman Group Ltd., Harlow, UK. 1996.

FARIA, F. J. C.; FILHO, A. E. V.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.126, p.148–153, 2009.

FAO - ‘The state of the world’s animal genetic resources for food and agriculture.’ (Eds B Rischkowsky, D Pilling). **Food Agriculture Organization of the United Nations**: Rome, Italy, 2007.

GONZÁLEZ-RECIO, O.; LÓPEZ de MATURANA, E.; GUTIÉRREZ, J. P. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v.90, p.5744-5752, 2007.

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

GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I.; MOLINA, A.; VALERA, M.; GOYACHE, F. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p.359–378, 2008.

GUTIÉRREZ, J. P., I. CERVANTES, AND F. GOYACHE. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.126, p.327-332, 2009.

HENDERSON, C. R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v.31, p.69-83, 1976.

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

MALHADO, C. H. M.; MENDES MALHADO, A. C.; CARNEIRO, P. L. S.; RAMOS, A. A.; AMBROSINI, D. P.; PALA, A. 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, p.1891–1897, 2012.

MACCLUER, J.W.; BOYCE, A.J.; DYKE, B.; WEITKAMP, L.R.; PFENNIG, D.W.; PARSONS, C.J. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred. **Journal of Heredity**, v.74, p.394-399, 1983.

MEUWISSEN, T.I., LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v.24, p.305-313, 1992.

PEIXOTO, M. G. C. D.; POGGIAN, C. F.; VERNEQUE, R. S.; EGITO, A. A.; CARVALHO, M. R. S.; PENNA, V. M.; BERGMAN, J. A. G.; VICCINI, L. F.; MACHADO, M. A. Genetic basis and inbreeding in the Brazilian Guzerat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**, v.131, p.168–174, 2010.

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

ROSATI, A.; VAN VLECK, L. D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and *mozzarella* cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. **Livestock Production Science**, v.74, p.185–190, 2002.

SANTANA JR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; GROENEVELD, E.; FERRAZ, J. B. S. Effect of inbreeding on growth and reproductive traits of Nelore cattle in Brazil. **Livestock Science**, v.131, p.212–217, 2010.

SANTANA JR, M. L.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; BIGNARD, A.B.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Population structure and effects of inbreeding on milk yield and quality of Murrah buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v.94, p.5204–5211, 2011.

TEIXEIRA NETO, M. R.; CRUZ, J. F.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; RIBEIRO AZEVÊDO, D. M. M.; BOZZI, R.; MALHADO, C. H. M. Genetic variability in Mediterranean buffaloes evaluated by pedigree analysis. **Revista Ciência Rural, Santa Maria**, v.42, p.2037-2042, 2012.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M. F. C.; OLIVEIRA, J. A.; DUARTE, J. M. C. D.; FURTADO, T. P.; TSEIMAZIDES, S. P. Parâmetros Genéticos para a Produção de Leite, Gordura e Proteína em Bubalinos. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.2051–2056, 2000.

VANRADEN, P. M., AND SMITH, L. A. Selection and mating considering expected inbreeding of future progeny. **Journal of Dairy Science**, v.82, p.2771–2778, 1999.

### CAPÍTULO III. ESTIMAÇÃO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E INFLUÊNCIA DA ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM BÚFALOS MURRAH

#### RESUMO

O objetivo deste estudo foi incluir a endogamia na estimativa dos componentes de (co)variância a fim de estimar seu efeito sobre a avaliação de parâmetros genéticos e estimar sua influência em características produtivas e reprodutivas de bubalinos da raça Murrah. Os dados fenotípicos foram referentes a 2.996 primeiras lactações controladas mensalmente do ano de 1987 até 2016. As estimativas dos componentes de (co)variância foram obtidos pelo método de máxima verossimilhança restrita por meio do programa REMLF90. Para as estimativas, foram considerados 3 modelos distintos: 1) modelo tradicional, que incluiu o grupo de contemporâneo (fazenda, ano e estação de parto) como efeito fixo, idade da búfala ao parto em meses (efeito linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal e erro; 2) modelo tradicional mais a inclusão do coeficiente de endogamia ( $F$ ) como efeito fixo; e 3) modelo tradicional mais a inclusão do incremento de endogamia ( $\Delta F$ ) como efeito fixo. Para IPP, nos 3 modelos não foi considerada a idade da búfala ao parto. Não houve diferença nas estimativas de herdabilidades obtidas com a inclusão da endogamia nas estimativas dos componentes de variância neste estudo. As estimativas de herdabilidades encontradas para a P305, PP, PM e para IPP sugerem possibilidade de ganho genético para essas características. A produção de leite (P305) foi estatisticamente correlacionada com a produção de *mozzarella* (PM), proteína (PP) e gordura (PG). A endogamia encontrada influenciou negativamente na produção de leite. Portanto, nesta população é importante utilizar estratégias que controlem os acasalamentos entre indivíduos com maior grau de parentesco, diminuir a intensa utilização de poucos touros na reprodução bem como aumentar a variabilidade genética desta população com a introdução novos touros (novo material genético) para diminuir a endogamia e os efeitos negativos em características economicamente importantes.

**Palavras-chave:** bubalinos, depressão endogâmica, produção de leite, variabilidade genética.

### CHAPTER III. ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND INFLUENCE OF INBREEDING ON PRODUCTIVE AND REPRODUCTIVE CHARACTERISTICS IN MURRAH BUFFALOES

#### ABSTRACT

The objective of this study was to include inbreeding in the estimation of (co) variance components in order to estimate its effect on the evaluation of genetic parameters and to estimate its influence on productive and reproductive characteristics of Murrah buffaloes. The phenotypic data were related to 2,996 first lactations controlled monthly from the year 1987 to 2016. Estimates of (co) variance components were obtained by the restricted maximum likelihood method using the REMLF90 program. For the estimates, 3 different models were considered: 1) traditional model, which included the contemporary group (farm, year and birth season) as fixed effect, age of buffalo at calving in months (linear and quadratic effect) and random animal effects and error; 2) traditional model plus the inclusion of the inbreeding coefficient ( $F$ ) as a fixed effect; and 3) traditional model plus the inclusion of inbreeding increment ( $\Delta F$ ) as a fixed effect. For age at first calving (IPP), the age of the buffalo at calving was not considered in the 3 models. There was no difference in the estimates of heritabilities obtained with the inclusion of inbreeding in the estimates of variance components in this study. The estimates of heritabilities found for P305, PP, PM and IPP suggest the possibility of genetic gain for these characteristics. Milk production (P305) was statistically correlated with the production of *mozzarella* (PM), protein (PP) and fat (PG). The inbreeding found have negatively influenced milk production. Therefore, in this population it is important to use strategies that control mating among individuals with a higher degree of relationship, to reduce the intense use of few bulls in reproduction, as well as to increase the genetic variability of this population with the introduction of new bulls (new genetic material) to reduce inbreeding and negative effects on economically important characteristics.

**Key words:** buffaloes, inbreeding depression, milk production, genetic variability.

## 1. INTRODUÇÃO

A criação de búfalos no Brasil teve início há muitas décadas. Entretanto, até os dias atuais ainda não existe um programa de melhoramento genético sólido para a espécie (EUCLIDES FILHO, 2000). O conhecimento sobre a espécie e suas habilidades produtivas foi possível a partir de pesquisas iniciadas há aproximadamente 50 anos e da formação de associações de criadores de búfalos (MARCONDES, 2011).

A Murrah é uma das raças especializadas na produção de leite. O leite de búfala contém alta concentração de proteína e gordura. A maior concentração destes componentes aumenta o rendimento do queijo *mozzarella* e dos outros derivados lácteos. Além de apresentar alta aceitabilidade dos consumidores, o queijo *mozzarella* proveniente do leite de búfala é mais valorizado comercialmente (ASPILCUETA-BORQUIS et al., 2010; TONHATI et al., 2000; ROSATI & VAN VLECK, 2002).

A gordura é um dos constituintes do leite que mais influencia no processamento de produtos lácteos e no sabor do produto final, já a proteína tem maior influência no rendimento da produção do queijo *mozzarella* (ROSATI & VAN VLECK, 2002). Dentre as características qualitativas, uma das mais importantes e que pode afetar a produção leiteira é a contagem de células somáticas – normalmente, convertida em escore de células somáticas, do inglês, *somatic cell score* (SCS)-, pois esta é ligada ao diagnóstico da mastite e, além disso, é um referencial para os laticínios sobre a qualidade do leite adquirido (REKIK et al., 2008; BANSAL et al., 2010). Entre as características produtivas e qualitativas, não menos importante, estão às características reprodutivas como, idade ao primeiro parto e intervalo entre parto. Estas estão relacionadas com a quantidade de bezerros produzidos por búfala e, conseqüentemente, influenciam na produtividade leiteira (RAMOS et al., 2006).

Uma das ferramentas utilizadas para o aumento da produtividade é a seleção de indivíduos geneticamente superiores. No entanto, é necessária maior variabilidade genética entre os indivíduos selecionados para que seja alcançado progresso genético nos rebanhos. Um fator limitante da variabilidade genética é o aumento da homozigose ocasionada pelo acasalamento entre indivíduos com maior grau de parentesco entre si (BERNARDES et al., 2016). Sendo uma das conseqüências à redução em características fenotípicas de interesse econômico, chamada de depressão endogâmica (CARNEIRO et al., 2006).

Associado a isso, estudos que avaliem os efeitos da endogamia em características de produção e reprodução em búfalos podem fornecer informações que permitirão melhorar o planejamento de acasalamentos a fim de evitar o aumento da endogamia e, conseqüentemente, a depressão endogâmica ocasionada pela diminuição da variabilidade genética nos rebanhos.

Neste contexto, o objetivo do estudo foi determinar o nível de endogamia, incluí-lo na estimação de parâmetros genéticos e quantificar seu efeito em características produtivas e reprodutivas de bubalinos da raça Murrah.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Análise dos dados fenotípicos, endogamia e estimação dos parâmetros genéticos

Os dados fenotípicos utilizados foram referentes a seis rebanhos distribuídos em fazendas do estado de São Paulo, Rio Grande do Norte e Pará. As características fenotípicas analisadas foram produção de leite acumulada até 305 dias (P305), gordura (PG), proteína (PP) e *mozzarella* (PM), contagem de células somáticas (CCS), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo entre parto (IEP). Os dados foram obtidos de 2.996 primeiras lactações de búfalas da raça Murrah controladas mensalmente do ano de 1987 até 2016.

A partir das produções do dia do controle foi calculada a produção de leite (P305). As produções de leite do primeiro controle foram obtidas do 5º ao 45º dia após o parto e consideradas em classes mensais de lactação com variação de 1 a 10 classes e vacas com pelo menos quatro controles, sendo mantidas apenas as lactações com duração superior a 90 dias e truncadas aos 305 dias. A PM foi calculada segundo a fórmula proposta por Altiero et al., (1989):

$$PM(\text{kg}) = P305 * \{[(3,5 * \%P) + (1,23 * \%G) - 0,88] / 100\}$$

A CCS foi obtida com a média dos registros mensais por lactação como descrito por Tonhati et al., 2000. E transformada em escore de células somáticas (SCS), segundo a fórmula descrita por Dabdoub & Shook (1994):

$$SCS = [\log_2(\text{CCS}/100) + 3].$$

A IPP, foi definida como a diferença, em meses, entre o primeiro parto e o nascimento da vaca e o IEP como a diferença, em dias, entre o primeiro e o segundo parto. Os grupos de contemporâneos (GC) foram formados pela fazenda, ano e estação de parto. As estações de parto foram definidas como: 1- seca (maio-outubro) e 2-

chuvosa (novembro-abril). Em todas as análises (P305, PG, PP, PM, SCS, IEP, e IPP) o pedigree com a identificação do animal, pai e mãe foi utilizado, totalizando um arquivo de 4.032 animais e cada GC foi composto de no mínimo quatro animais e registro das características compreendido entre  $\pm 3,5$  desvios padrão acima ou abaixo da média do GC. A consistência dos dados foi realizada com o auxílio do ambiente estatístico computacional R (R CORE TEAM, 2018). O total de animais com registros e as estatísticas descritivas para cada característica foram descritas na Tabela 1.

**Tabela 1.** Estatística descritiva das características de produção de leite acumulada até 305 dias (P305), produção de gordura (PG) e proteína (PP), produção de *mozzarella* (PM), escore de células somáticas (SCS), idade ao primeiro parto (IPP) e intervalo entre parto (IEP)

Descrição	P305(kg)	PG(kg)	PP(kg)	PM(kg)	SCS	IPP	IEP
Número de registros	2595	504	504	504	301	2577	1761
Média	1861,27	136,33	92,35	471,97	4,24	37,26	427,00
Máximo	2998,60	252,99	161,41	773,99	8,85	47,98	549,75
Mínimo	802,85	31,81	24,54	119,85	0,88	26,37	335,00
DP	523,68	38,37	23,11	118,87	1,64	4,50	49,94
CV	28,14	28,15	25,02	25,19	38,61	12,07	11,70
Número de GC	137	17	17	17	15	138	124

DP= desvio padrão; CV= coeficiente de variação; GC= Grupos de contemporâneos

O coeficiente de endogamia ( $F$ ) e o incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) foram calculados por meio do programa ENDOG v.4.8 utilizando o pedigree (GUTIÉRREZ E GOYACHE, 2005).

Após as restrições e eliminações pertinentes a cada característica e a obtenção do coeficiente de endogamia ( $F$ ) e do incremento da endogamia ( $\Delta F$ ), foram realizadas as estimativas dos componentes de (co)variância considerando um modelo animal unicaracterística, pelo método de máxima verossimilhança restrita (REML) por meio do programa REMLF90 (MISZTAL, et al., 2014) para as características P305, PG, PP, PM, SCS, IPP e IEP. Para as estimativas, foram utilizados três modelos distintos: 1) modelo tradicional, incluiu o grupo de contemporâneo (fazenda-ano-estação de parto) como efeito fixo, idade da búfala ao parto em meses (efeito linear e quadrático) e os efeitos aleatórios de animal e erro; 2) modelo tradicional, mais a inclusão do coeficiente de endogamia ( $F$ ) como efeito fixo; e 3) modelo tradicional, mais a inclusão do incremento da endogamia ( $\Delta F$ ) como efeito fixo. Para IPP, não foi considerada a idade da búfala ao parto nos três modelos.

Em notação matricial o modelo pode ser descrito como:

$$y = X\beta + Za + \varepsilon ;$$

em que:



$y$  = é o vetor dos registros fenotípicos (P305, PG, PP, PM, SCS, IPP e IEP);

$\beta$  = é o vetor dos efeitos fixos do modelo 1 (GC), modelo 2 (GC e  $F$ ) e modelo 3 (GC e  $\Delta F$ );

$a$  = é o vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos;

$\varepsilon$  = é o vetor dos efeitos aleatórios residuais.

Os valores genéticos dos touros Top 5% obtidos por meio do modelo 1 e modelo 2 foram comparados através das correlações de classificação de ambos os modelos para as características de P305, PM, PP, SCS e IPP.

Além de estimar os componentes de (co) variância, a partir dos valores genéticos foram estimadas as correlações genéticas entre a P305 e as características PM, PP, e PG, SCS, IPP e IEP.

## 2.2. Estimação do efeito da endogamia em características produtivas e reprodutivas

Os efeitos da endogamia sobre as características de produção e reprodução foram obtidos por meio de análise de regressão das características fenotípicas de P305, PM, IPP e IEP em relação ao coeficiente de endogamia ( $F$ ).

## 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 3.1. Endogamia e estimativa dos parâmetros genéticos

Os níveis de endogamia ( $F$  e  $\Delta F$ ) encontrados foram baixos, com médias de 3,72% e 0,98%, respectivamente.

As estimativas dos componentes de (co)variância utilizando os modelos 1, 2 e 3 mostraram uma pequena variação em todas as características avaliadas, esse resultado não alterou os resultados das estimativas de herdabilidade (Tabela 2).

**Tabela 2.** Componentes de (co)variância e herdabilidade estimados a partir dos 3 modelos (M1, M2 e M3) de avaliação genética de bubalinos leiteiros

Característica	$\sigma_a^2$			$\sigma_e^2$			$h^2$		
	M1	M2	M3	M1	M2	M3	M1	M2	M3
P305	43960	44100	44030	140500	140500	140500	0,24	0,24	0,24
PG	250,4	246,3	244,8	1114,00	1121,00	1121,00	0,18	0,18	0,18
PP	133,5	135,0	133,8	379,2	378,6	379,8	0,26	0,26	0,26
PM	3187	3404	3393	10300	10140	10150	0,24	0,25	0,25
SCS	0,2361	0,2443	0,2432	2,326	2,328	2,329	0,09	0,09	0,09
IPP	3,570	3,577	3,578	11,39	11,35	11,37	0,24	0,24	0,24
IEP	89,02	100,4	91,05	2091	2082	2091	0,04	0,05	0,04

$\sigma_a^2$  = variância genética aditiva,  $\sigma_e^2$  = variância residual,  $h^2$  = herdabilidade, M1= modelo 1 (sem a inclusão da endogamia), M2= modelo 2 (incluindo a endogamia), M3=modelo 3 (incluindo  $\Delta F$ )

As estimativas das herdabilidades para as características de produção (P305, PG, PP e PM) foram moderadas, com uma variação de 0,18 a 0,26 (Tabela 3). A estimativa de herdabilidade para P305 foi de 0,24, sugerindo variação genética aditiva suficiente para responder à seleção. Para búfalos Murrah, Tonhati et al., (2000) e Tonhati et al., (2008) encontraram herdabilidades de 0,24 e 0,19 utilizando o método REML. Aspilcueta-Borquis et al., (2010b) obtiveram herdabilidade de 0,21 para a produção de leite em búfalos Murrah por inferência Bayesiana.

A herdabilidade para o intervalo entre parto (IEP) foi baixa (0,05). Este resultado sugere que a característica tem maior influência de fatores ambientais e sua eficiência pode ser aumentada por meio de melhorias de manejo e nutrição (BARROS et al., 2016). Em búfalos Murrah, estimativa semelhante foi relatada por Barros et al., (2016) e inferior relatada por Ramos et al., (2006) para búfalas Murrah (0,05 e 0,02, respectivamente).

Para IPP, a herdabilidade obtida foi de 0,24 indicando que esta característica pode responder à seleção. Dessa forma, é possível a seleção de reprodutores que produzirão filhas com IPP reduzida, assim as fêmeas começam a vida reprodutiva mais cedo, contribuindo para o aumento da produtividade do rebanho e com a redução de custos de produção. Resultados inferiores foram relatados por Barros et al., (2016) que obtiveram uma herdabilidade de 0,16 para búfalas Murrah. A herdabilidade estimada para IPP foi próxima à relatada por Canaza-Cayo et al., (2018) de 0,20 para bovinos de leite da raça Girolando por meio do método REML.

A herdabilidade estimada para SCS foi de 0,09 indicando que o efeito ambiental tem maior influência sobre essa característica do que o efeito genético aditivo, portanto essa característica não responderia à seleção, mas poderia responder a melhorias de manejo, principalmente na higienização dos tetos e dos equipamentos antes e após as ordenhas para prevenção de infecções intramamárias ocasionada por contaminação microbiana (BANSAL et al., 2010). No entanto, Aspilcueta-Borquis et al., (2010) encontraram estimativas de herdabilidade para SCS de 0,25 por inferência Bayesiana em búfalas Murrah.

As estimativas das herdabilidades para PG, PP e PM foram de 0,18, 0,26 e 0,25, respectivamente. Essas estimativas foram moderadas e superiores as estimativas relatadas em um rebanho de búfalos da Itália por Rosati & Van Vleck, (2002) para PG, PP e PM de 0,11, 0,14, e 0,13, respectivamente. Aspilcueta-Borquis et al., (2010), em búfalos Murrah por inferência Bayesiana, relataram estimativas de herdabilidade

semelhante para a PG e inferior para PP, com valores de 0,20 e 0,22, respectivamente. As herdabilidades obtidas sugerem que as características de PG, PP e PM possuem variação genética aditiva para responder à seleção.

A correlação de classificação para touros Top 5% (12 touros) com base nos valores genéticos de cada característica obtidos pelo modelo 1 e 2, mostrou que em ambos os modelos houve posições de classificação coincidentes para P305, PM, PP, SCS e IPP (Tabela 3).

**Tabela 3.** Classificação dos touros (Top 5%) para produção de leite (P305), produção de *mozzarella* (PM), produção de proteína (PP), escore de células somáticas (SCS) e idade ao primeiro parto (IPP) sem e com a inclusão da endogamia (F) na predição dos valores genéticos.

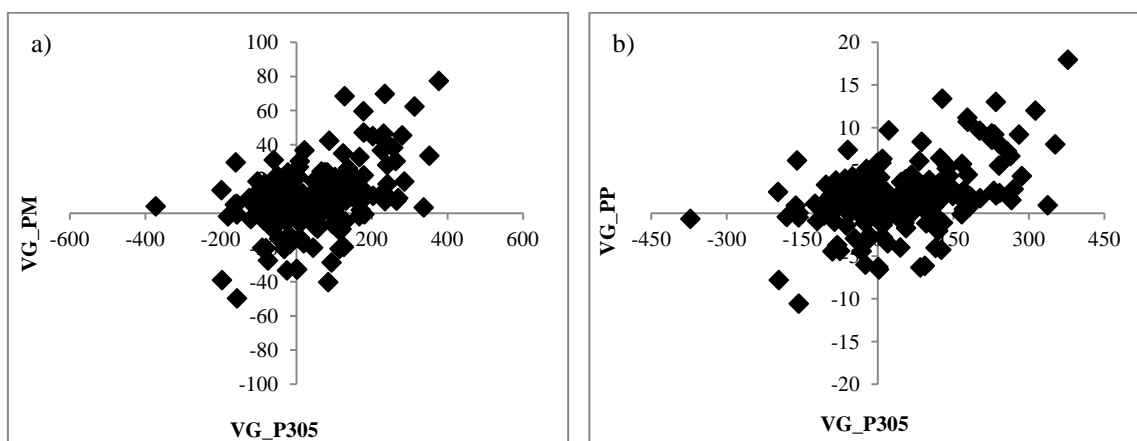
Modelo 1					Modelo 2				
P305	PM	PP	SCS	IPP	P305	PM	PP	SCS	IPP
195	195	195	135	1382	195	195	195	135	1382
1404	885	409	885	391	1404	885	409	885	395
584	409	885	587	585	584	409	885	587	585
587	871	871	403	395	587	587	587	403	391
872	587	587	593	594	876	871	871	593	594
876	872	1389	577	1406	872	1389	1389	577	1406
600	1389	596	884	1386	289	1401	865	884	1386
289	596	865	887	292	600	872	596	887	885
879	1401	872	586	1384	879	596	1391	586	598
888	1391	1391	588	583	888	1391	1401	588	578
595	281	1401	866	871	863	281	872	866	1387
863	887	136	607	578	887	887	136	877	292

Modelo 1= sem incluir a endogamia, Modelo 2= com inclusão da endogamia

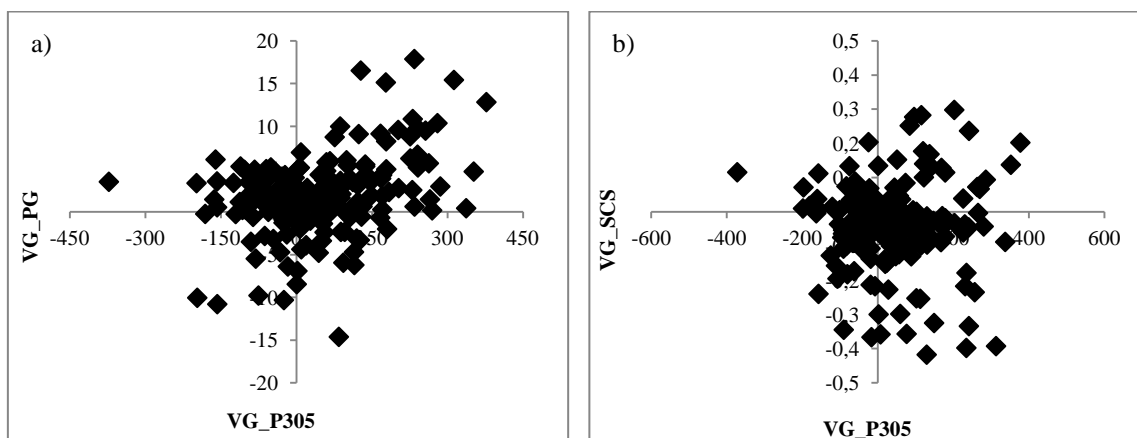
Apesar da classificação de alguns touros serem diferentes quando comparados os modelos, a maioria dos touros eram os mesmos nos dois modelos, alterando somente sua classificação. A comparação das classificações da P305 com PM, PP, SCS e IPP em ambas as análises, mostrou que existe pouca sobreposição de touros, indicando que os melhores touros para P305 não são necessariamente os melhores para PM, PP, SCS e IPP.

A estimativa de correlação genética entre P305 e PM, PP e PG foram de 0,44, 0,46 e 0,38 (Figura 1a, 1b e 2a). Esses resultados sugerem que parte da variação genética aditiva responsável pela P305 é a mesma da PM, PP e PG. Dessa forma, a seleção para aumentar a P305 também aumentaria a PM, PP, PG. Segundo Rosati & Van Vleck, (2002) a produção de queijo *mozzarella* está relacionada com a produção de leite e seus constituintes (porcentagens de gordura e proteína). Portanto, a produção do queijo *mozzarella* será maior quando a produção de leite e as porcentagens de proteína e gordura estiverem adequadas.

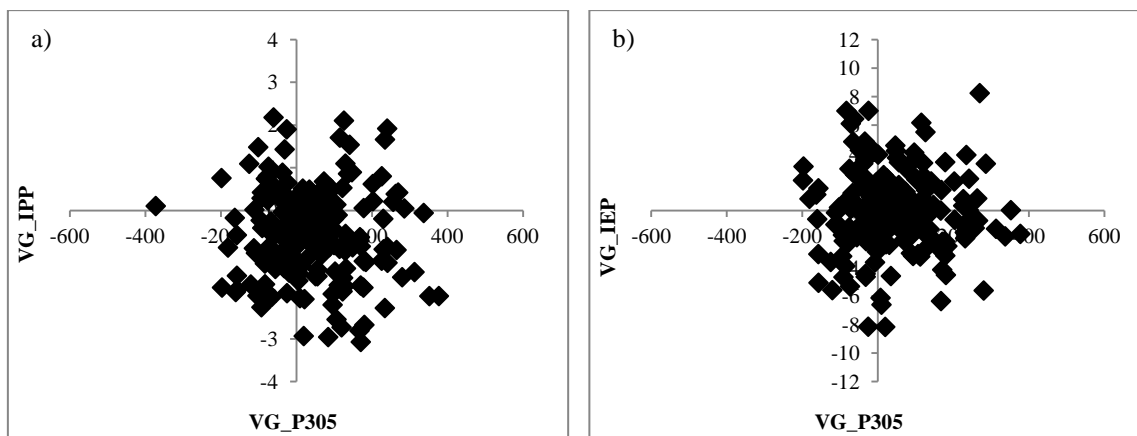
As correlações genéticas entre P305, SCS, IPP e IEP foram negativas e de baixa magnitude, -0,02, -0,10, -0,07, respectivamente (Figura 2b, 3a e 3b). Estes resultados indicam que a seleção baseada na produção de leite teria uma influencia de baixa magnitude nas respostas dessas características estudadas, porque essas características são determinadas por grupos diferentes de genes e respondem diferente às condições ambientais. Ramos et al. (2006) e Malhado et al. (2009) relataram correlações genéticas entre P305 e IEP de -0,22 e -0,25, indicando existência de antagonismo favorável entre essas características. Em bovinos de leite da raça Girolando, Canaza-Cayo et al., (2016) encontraram uma correlação genética entre P305 e IPP favorável de -0,69, sugerindo que filhas de touros com alto mérito genético para produção de leite tendem a ser mais precoces sexualmente. A correlação genética entre P305 e SCS foi inferior à -0,06 relatada por Aspilcueta-Borquis et al., (2010) em búfalos Murrah.



**Fig 1.** a) Correlação entre os valores genéticos da produção de leite (VG\_P305) e os valores genéticos da produção de *mozzarella* (VG\_PM) e b) correlação entre o VG\_P305 e a produção de proteína (VG\_PP) dos 241 touros Murrah.



**Fig 2.** a) Correlação entre os valores genéticos da produção de leite (VG\_P305) e os valores genéticos da produção de gordura (VG\_PG) e b) correlação entre o VG\_P305 e o escore de células somáticas (VG\_SCS) dos 241 touros Murrah.



**Fig 3.** a) Correlação entre os valores genéticos da produção de leite (VG\_P305) e os valores genéticos da idade ao primeiro parto (VG\_IPP) e b) correlação entre o VG\_P305 e intervalo entre parto (VG\_IEP) dos 241 touros Murrah.

### 3.2. Efeito da endogamia nas características produtivas e reprodutivas

O efeito da endogamia sobre as características PM, PP, PG e SCS não foi significativo ( $p > 0,05$ ). Esses resultados podem estar relacionados com a baixa estimativa média do coeficiente de endogamia encontrado (3,72%) e com a baixa representação de animais com níveis elevados de endogamia nesta população.

O coeficiente de determinação encontrado para o efeito da endogamia na P305 foi baixo ( $R^2 = 0,0069$ ). No entanto, foi verificada relação linear significativa ( $p < 0,05$ ) com redução de -937,54 kg de leite com o aumento de 1% de endogamia (Figura 4).

Santana Jr et al., (2011), em búfalos da raça Murrah, identificaram efeito significativo ( $p < 0,05$ ) da endogamia na redução da produção de leite (-1,005 kg), produção de gordura (-0,299 kg) e produção de *mozzarella* (-1,201 kg).

Atashi et al., (2011) estimando o efeito da endogamia na produção de leite, gordura e proteína de vacas da raça Holandesa encontraram redução de  $-19 \pm 3,7$ ,  $-0,7 \pm 0,13$  e  $-0,43 \pm 0,13$ , respectivamente.

Em bovinos da raça Holandesa, Mc Parland et al., (2007) relataram redução ( $p < 0,01$ ) de 47 e 161 kg na produção de leite quando os coeficientes de endogamia estavam entre 6,25 e 12,5% e entre 12,5 a 25%, respectivamente. Silva et al., (2001) relataram redução de 1,15 kg de leite com o incremento de 1% no coeficiente de endogamia em bovinos do ecotópico da Mantiqueira.

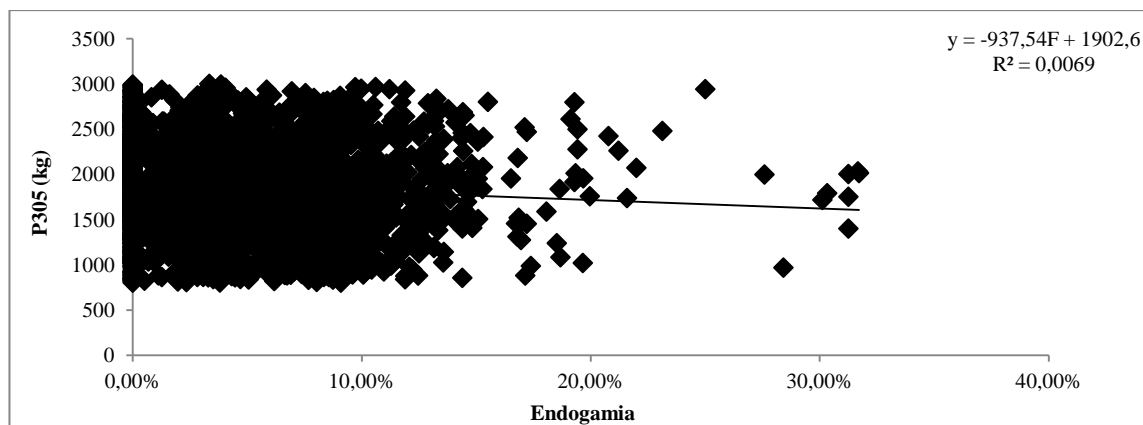


Fig 4. Efeito da endogamia na produção de leite (P305 (kg)).

Para IPP e IEP o coeficiente de determinação encontrado para o efeito da endogamia também foi baixo ( $R^2 = 0,0133$  e  $R^2 = 0,0031$ ). No entanto, foi verificada relação linear significativa ( $p < 0,05$ ) com redução de 11,16 meses e 60,03 dias a IPP e o IEP com o aumento de 1% de endogamia (Figura 5a e 5b).

Bernardes et al., (2016) estudando o efeito da endogamia na idade ao primeiro parto e intervalo entre parto em vacas da raça Tabapuã identificaram ausência de efeito negativo da endogamia ( $p < 0,05$ ). Embora o coeficiente de determinação encontrado para o efeito da endogamia ser baixo como o obtido neste estudo. Em bovinos Nelore, Santana Jr et al., (2010) relataram efeito desfavorável da endogamia para a circunferência escrotal aos 18 meses de -1,63 cm para o incremento de 1% de endogamia ( $p < 0,01$ ) e redução da probabilidade de novilhas emprenharem aos 14 meses a partir de 10,8% de endogamia ( $p < 0,001$ ). Em novilhas da raça Alentejana, Carolino & Gama (2008) observaram efeito desfavorável da endogamia para intervalo entre parto ( $p < 0,05$ ) e idade ao primeiro parto ( $p < 0,01$ ) de 0,2 dias e 0,02 meses, respectivamente.

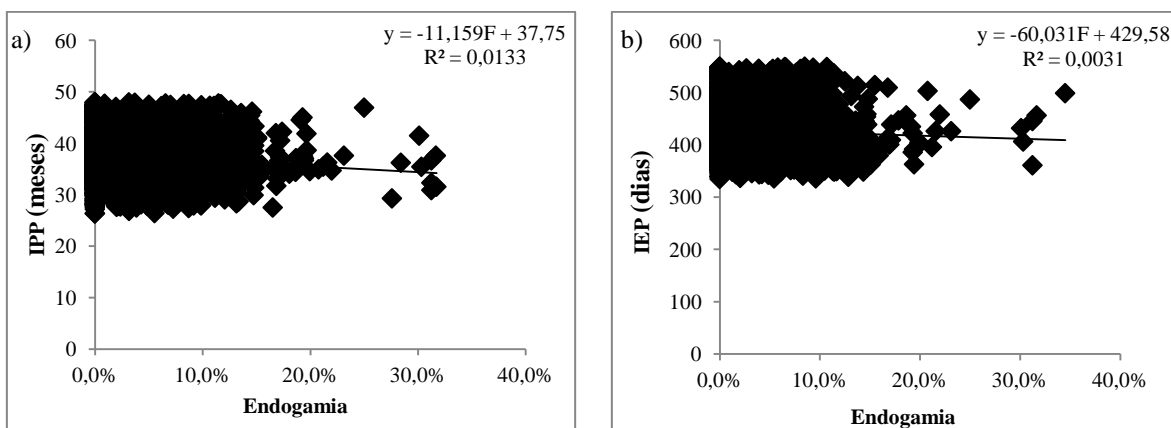


Fig 5. a) Efeito da endogamia na idade ao primeiro parto (IPP (meses)) e b) Efeito da endogamia nos valores

genéticos do intervalo entre parto (IEP).

#### 4. CONCLUSÕES

A inclusão dos níveis de endogamia não provocaram diferenças nas estimativas de herdabilidades neste estudo. As herdabilidades encontradas para a P305, PP, PM e para IPP sugerem possibilidade de ganho genético para essas características. A produção de leite (P305) foi estatisticamente correlacionada com a produção de *mozzarella* (PM), proteína (PP) e gordura (PG). A endogamia encontrada influenciou negativamente na produção de leite. Portanto, nesta população é importante utilizar estratégias que controlem os acasalamentos entre indivíduos com maior grau de parentesco, diminuir a intensa utilização de poucos touros na reprodução, bem como, aumentar a variabilidade genética desta população com a introdução novos touros (novo material genético) para diminuir a endogamia e os efeitos negativos em características economicamente importantes.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALTIERO, V., MOIO, L., ADDEO, F. Previsione della resa in *mozzarella* sulla base del contenuto in grasso e proteine del latte di bufala. **Scienza Tecnica Lattiero-Casearia**, v.40, p.425–433, 1989.
- ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; ARAÚJO NETO, F. R.; BALDI, F.; BIGNARD, A. B.; ALBUQUERQUE, L. G. Genetic parameters for buffalo milk yield and milk quality traits using Bayesian inference. **Journal of Dairy Science**, v.93, p. 2195–2201, 2010.
- ATASHI, H.; SAYADNEJAD, M. B.; ASAADI A. The effect of inbreeding on lactation performance in Holstein cows od Iran. **Iranian Journal of Applied Animal Science**, v.1, p.253-256, 2011.
- BANSAL, B. K.; HAMANN, J.; and LIND, O. Determination of somatic cells in buffalo milk using DeLaval cell counter DCC. **Mastitis Research into Practice: Proceedings of the 5<sup>th</sup> IDF Mastitis Conference**, 2010.
- BARROS, C. C.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; FRAGA, A. B.; TONHATI, H. Genetic Parameter Estimates for Production and Reproduction Traits in Dairy Buffaloes. **Revista Caatinga**, v.29, p.216–221, 2016.
- BERNARDES, P. A.; GROSSI, D. A.; SAVEGNAGO, R. P.; BUZANSKAS, M. E.; RAMOS, S. B.; ROMANZINI, E. P.; GUIDOLIN, D. G. F.; BEZERRA, L. A. F.; LÔBO, R. B.; MUNARI, D. P. Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. **Livestock Science**, v.187, p.96–101, 2016.
- CANAZA-CAYO, A. W.; COBUCCI, J. A.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; MARTINS, M. F.; DALTRO, D. S.; SILVA, M. V. G. B. Genetic trend estimates for milk yield production and fertility traits of the Girolando cattle in Brazil. **Livestock Science**,

v.190, p.113–122, 2016.

CANAZA-CAYO, A. W.; LOPES, P. S.; COBUCI, J. A.; MARTINS, M. F.; SILVA, M. V. G. B. Genetic parameters of milk production and reproduction traits of Girolando cattle in Brazil. **Italian Journal of Animal Science**, v.17, p.22–30, 2018.

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; EUCLYDES, R. F.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S.; CARNEIRO, A. P. S.; CUNHA, E. E. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p.84–91, 2006.

CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. **Genetics Selection Evolution**, v.40, p.511–527, 2008.

DABDOUB, S. A. M., and SHOOK, G. E. Phenotypic relations among milk yield, somatic count cells, and mastitis. **Journal Dairy Science**, v.67, p.163–164, 1994.

EUCLIDES FILHO, K. **Melhoramento genético animal no Brasil**: fundamentos, história e importância. Embrapa CNPGC, 2000. Disponível em: <http://www.cnpdc.embrapa.br/publicacoes/doc/doc75/index.html> Acesso em: 06/02/2019.

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

MALHADO, C. H. M.; RAMOS, A. A.; CARNEIRO, P. L. S.; AZEVEDO, D. M. M. R.; AFFONSO, P. R. A. M.; PEREIRA, D. G.; SOUZA, J. C. Estimativas de parâmetros genéticos para características reprodutivas e produtivas de búfalas mestiças no Brasil. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.10, p.830-839, 2009.

MARCONDES, C. R. Melhoramento de búfalos no Brasil: avanços, entraves e perspectivas. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, p.307-315, 2011.

MC PARLAND, S.; KEARNEY, J. F.; RATH, M.; BERRY, D. P. Inbreeding Effects on Milk Production , Calving Performance, Fertility , and Conformation in Irish Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, v.90, p.4411–4419, 2007.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENÇO, D.; AGUILAR, I.; LEGARA, A.; VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens: University of Georgia; 2014.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. **R Foundation for Statistical Computing**, Vienna, Austria. URL: <https://www.R-project.org/>, 2018.

RAMOS, A. A.; MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; GONÇALVES, H. C.; RIBEIRO AZEVEDO, D. M. M. Caracterização fenotípica e genética da produção de leite e do intervalo entre partos em bubalinos da raça Murrah. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p.1261–1267, 2006.



REKIK, B.; AJILI, N.; BELHANI, H.; BEN GARA, A.; ROUISSI, H. Effect of somatic cell count on milk and protein yields and female fertility in Tunisian Holstein dairy cows. **Livestock Science**, v.116, p.309-317, 2008.

ROSATI, A.; VAN VLECK, L. D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and *mozzarella* cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. **Livestock Production Science**, v.74, p.185-190, 2002.

SANTANA JR, M. L.; OLIVEIRA, P. S.; PEDROSA, V. B.; ELER, J. P.; GROENEVELD, E.; FERRAZ, J. B. S. Effect of inbreeding on growth and reproductive traits of Nellore cattle in Brazil. **Livestock Science**, v.131, p.212-217, 2010.

SANTANA JR, M. L.; ASPILCUETA-BORQUIS, R. R.; BIGNARD, A.B.; ALBUQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Population structure and effects of inbreeding on milk yield and quality of Murrah buffaloes. **Journal of Dairy Science**, v.94, p.5204-5211, 2011.

SILVA, M. V. G. B.; FERREIRA, W. J.; COBUCCI, J. A.; GUARAGNA, G. P.; OLIVEIRA, P. R. P. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.1236-1242, 2001.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M. F. C.; OLIVEIRA, J. A.; DUARTE, J. M. C. D.; FURTADO, T. P.; TSEIMAZIDES, S. P. Parâmetros Genéticos para a Produção de Leite, Gordura e Proteína em Bubalinos 1 Genetic Parameters of Milk Production, Fat and Protein Contents in Buffalo Milk. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.29, p.2051-2056, 2000.

TONHATI, H.; MUÑOZ, M. F. C.; OLIVEIRA, J. A.; EL-FARO, L.; LIMA, A. L. F.; ALBUQUERQUE, L. G. Test-day milk yield as a selection criterion for dairy buffaloes (*Bubalus bubalis* Artiodactyla, Bovidae). **Genetics and Molecular Biology**, v.31, p.674-679, 2008.

## **6. CONSIDERAÇÕES FINAIS**

Devido ao efeito negativo da endogamia em características produtivas, reprodutivas e na diversidade genética de animais de produção, estudos que determinem os níveis e quantifique os efeitos da endogamia são importantes para melhorias produtivas, principalmente porque existem poucos programas de melhoramento genético em rebanhos de bubalinos. Neste estudo, a endogamia interferiu negativamente na redução de poucas características produtivas e reprodutivas, provavelmente pelo fato da endogamia encontrada ainda ser baixa e não estar bem estabelecida nesta população. No entanto, em termos de tamanho efetivo, foi encontrada reduções significativas nas gerações estudadas que podem afetar a variabilidade genética do rebanho avaliado.