



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA**

**METODOLOGIAS PARA OTIMIZAR A VARIABILIDADE
GENÉTICA DE NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE RAÇAS
LOCALMENTE ADAPTADAS**

HELENA CARNEIRO

TESE DE DOUTORADO EM CIÊNCIAS ANIMAIS

**BRASÍLIA/DF
DEZEMBRO DE 2012**



**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA**

**METODOLOGIAS PARA OTIMIZAR A VARIABILIDADE GENÉTICA DE
NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS**

HELENA CARNEIRO

ORIENTADOR: CONCEPTA MCMANUS PIMENTEL

CO-ORIENTADOR: SAMUEL REZENDE PAIVA

TESE DE DOUTORADO EM CIÊNCIAS ANIMAIS

PUBLICAÇÃO: 78D/2012

**BRASÍLIA/DF
DEZEMBRO DE 2012**

REFERÊNCIA BIBLIOGRÁFICA E CATALOGAÇÃO

CARNEIRO, H. **Metodologias para Otimizar a variabilidade Genética de Núcleos de conservação de raças localmente adaptadas.** Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, 2012, 125. Tese de Doutorado

Documento formal, autorizando reprodução desta tese de doutorado para empréstimo ou comercialização, exclusivamente para fins acadêmicos, foi passado pelo autor à Universidade de Brasília e achase arquivado na Secretaria do Programa. O autor e o seu orientador reservam para si os outros direitos autorais, de publicação. Nenhuma parte desta dissertação de mestrado pode ser reproduzida sem a autorização por escrito do autor ou do seu orientador. Citações são estimuladas, desde que citada a fonte.

FICHA CATALOGRÁFICA

Carneiro, Helena. **Metodologias para Otimizar a variabilidade Genética de Núcleos de Conservação de raças localmente adaptadas.** Brasília: Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária da Universidade de Brasília. 2012. 125. Tese de doutorado - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária. 2012.

1. Conservação de Recursos Genéticos. 2. Análise de Viabilidade Populacional. 3. Análise de *Pedigree*.

**UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA
FACULDADE DE AGRONOMIA E MEDICINA VETERINÁRIA**

**METODOLOGIAS PARA OTIMIZAR A VARIABILIDADE GENÉTICA DE
NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS**

HELENA CARNEIRO

**TESE DE DOUTORADO SUBMETIDA À FACULDADE DE AGRONOMIA E
MEDICINA VETERINÁRIA DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA, COMO PARTE
DOS REQUISITOS NECESSÁRIOS À OBTENÇÃO DO GRAU DE DOUTOR EM
CIÊNCIAS ANIMAIS.**

APROVADA POR:

**CONCEPTA MCMANUS PIMENTEL, PhD (Universidade de Brasília)
(ORIENTADOR).**

CAROLINA MADEIRA LUCCI, PhD (Universidade de Brasília)

MARIA DE NAZARÉ KLAUTAU, PhD (Universidade de Brasília)

ARTHUR DA SILVA MARIANTE, PhD (EMBRAPA)

**JOSÉ ROBERTO DE ALENCAR MOREIRA, PhD (EMBRAPA) (EXAMINADOR
EXTERNO)**

BRASÍLIA/DF, 12 DE DEZEMBRO DE 2012

AGRADECIMENTOS

Agradeço à minha orientadora de longa data Professora Dra. Connie McManus por toda ajuda, compreensão, amizade, paciência, disponibilidade e conselhos ao longo da realização desse trabalho;

À Universidade de Brasília pela oportunidade de realizar esse curso;

Ao meu co-orientador Dr. Samuel Paiva pela idealização do trabalho e por toda a ajuda dispensada;

Aos colegas do Cenargen pela ajuda nas análises laboratoriais;

A todas as pessoas que coletaram os dados e os enviaram para a realização desse trabalho, sejam de outras Universidades, de Empresas de pesquisas e até mesmo criadores;

Agradeço a minha família pelo apoio e paciência. Aos meus pais por todo o amor e dedicação que sempre dedicaram a mim e por terem sempre me ensinado o valor do estudo e do conhecimento. Com certeza tudo que conquistei até hoje é graças a vocês;

Um agradecimento especial ao meu pai que ficaria muito feliz em presenciar essa conquista e que, tenho certeza, me ajudou de alguma forma;

Ao meu querido marido, amigo, companheiro, Márcio, por todo o amor que sempre teve por mim e por todo o apoio e compreensão, até mesmo pelos finais de semana ou noites de sono perdidas;

Ao meu lindo filho Oto que, apesar da pouca idade, sempre entendeu que a mamãe tinha que estudar!

A todas as pessoas que de certa forma participaram desse trabalho.

ÍNDICE

	PÁGINA
RESUMO	7
ABSTRACT	8
ÍNDICE DE TABELAS	9
ÍNDICE DE FIGURAS	10
CAPÍTULO 1	12
INTRODUÇÃO	12
PROBLEMÁTICA E RELEVÂNCIA	14
OBJETIVOS	15
REVISÃO DE LITERATURA	16
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	43
CAPÍTULO 2	53
RESUMO	53
ABSTRACT	54
INTRODUÇÃO	55
MATERIAIS E MÉTODOS	56
RESULTADOS E DISCUSSÃO	61
CONCLUSÃO	80
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	81
CAPÍTULO 3	85
RESUMO	85
ABSTRACT	86
INTRODUÇÃO	86
MATERIAIS E MÉTODOS	89
RESULTADOS E DISCUSSÃO	94
CONCLUSÃO	113
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	114
CAPÍTULO 4	117
CONCLUSÕES E CONSIDERAÇÕES FINAIS	117
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	124

RESUMO

METODOLOGIAS PARA OTIMIZAR A VARIABILIDADE GENÉTICA DE NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS

Autora: Helena Carneiro

Orientadora: Concepta McManus

Dois rebanhos, um de suínos da raça Moura e outro ovino da raça Bergamácia Brasileira, pertencentes a núcleos de conservação ligados ao Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos Animais foram usados nesse estudo. Foram feitas Análise de Viabilidade Populacional (PVA) e de *Pedigree*, usando os programas VORTEX e ENDOG, respectivamente. O objetivo desse estudo foi validar e aprimorar uma metodologia de avaliação para a conservação de rebanhos de pequeno efetivo populacional, a partir da integração de ferramentas de simulação do risco de extinção, marcadores moleculares e análise de *pedigree*. Foram usadas informações demográficas, genéticas e registros de *pedigree* de 412 suínos e de 1559 ovinos. Esses dados foram obtidos diretamente com os curadores dos rebanhos. Nas duas populações analisadas, a entrada de animais foi fundamental para a viabilidade da população. Entretanto, na população de ovinos, a mortalidade de animais, especialmente de fêmeas adultas, também foi considerada prejudicial para a persistência do núcleo de conservação. Nos suínos, a prolificidade da raça é fundamental para a viabilidade da população. Nos dois casos, percebeu-se que a frequência das catástrofes foi determinante para a sobrevivência dos animais, até mais do que a gravidade desses eventos. O estudo conjunto da PVA e da análise de *pedigree* permitiu o enriquecimento da análise e a extração do melhor de cada uma das metodologias. A análise genealógica é mais precisa para informações como coeficiente de endogamia, intervalo entre gerações e variabilidade genética. Por outro lado, com a PVA parece ser possível inferir o destino da população (persistência ou extinção) e testar o impacto de diferentes opções de manejo.

Palavras chave: Conservação de Recursos Genéticos; Análise de Viabilidade Populacional; Análise de *Pedigree*.

ABSTRACT**METHODOLOGIES TO OPTIMIZE THE GENETIC VARIABILITY OF
CONSERVATION NUCLEI OF LOCALLY ADAPTED BREEDS**

Author: Helena Carneiro

Supervisor: Concepta McManus

Two animal populations were examined, a Moura pig herd and Bergamasca sheep flock, both belonging to conservation nuclei of the Brazilian National Program for Animal Genetic Resources. *Pedigree* and Population Viability (PVA) Analyses were carried out using ENDOG and VORTEX programs respectively. The aim of the study was to validate and improve an evaluation methodology for the effective conservation of small populations, integrating simulation tools, molecular markers and *pedigree* analyses to evaluate the risk of extinction. Demographic, genetic and *pedigree* records of 411 pigs and 1559 sheep were used. Data were obtained from the herd curators. In both populations, the entrance of animals into the herds was vital for their viability. In the sheep flock, the survival of adult females was also considered essential for nucleus conservation. In pigs, the prolificacy of the breed is vital for its survival. In both cases, the frequency of the catastrophe was determinant for the herd survival, more than the severity of these disasters. The study of *pedigree* and PVA together enriched the analysis and defined the best conservation methods in each case. Genealogical analysis gave more precise results for inbreeding, generation intervals and genetic variability. On the other side, with PVA it was possible to infer the fate of the population (persistence or extinction) and to test different management options.

Key words: Genetics resource conservation; Population viability Analysis; *Pedigree* Analysis.

ÍNDICE DE TABELAS

TABELA	PÁGINA
CAPÍTULO 2	
Tabela 1. Parâmetros demográficos usados para similar a população da raça Bergamácia Brasileira utilizando o VORTEX	58
Tabela 2. Informações dos locos da raça Bergamácia Brasileira	59
Tabela 3. Resumo do Coeficiente de Endogamia, do Coeficiente de Parentesco Médio e do Tamanho Efetivo da População por geração em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira	63
Tabela 4. Intervalo entre geração (L) em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira	66
Tabela 5. Resumo dos resultados obtidos nas simulações com o VORTEX para um rebanho de Bergamácia Brasileira, considerando o cenário base e os alternativos	70
Tabela 6. Resumo dos resultados dos cenários alternativos obtidos nas simulações com o VORTEX para um rebanho de Bergamácia Brasileira.	71
CAPÍTULO 3	
Tabela 1. Parâmetros demográficos de entrada no VORTEX usado para simular a população de Suínos Moura	90
Tabela 2. Frequência alélica do núcleo de conservação dos Suínos Moura da Embrapa Suínos e Aves	91
Tabela 3. Resumos dos valores da análise de <i>pedigree</i> .	93
Tabela 4. Resumos dos valores da análise de <i>pedigree</i> do rebanho atual.	94
Tabela 5. Resumo dos parâmetros de integridade do <i>pedigree</i> dos Suínos Moura	96
Tabela 6. Intervalo entre geração do Núcleo de Conservação dos suínos Moura	97
Tabela 7. Intervalo entre geração do Núcleo de Conservação dos suínos Moura considerando os animais da população atual	97
Tabela 8. Resumo dos resultados obtidos na simulação com o programa VORTEX	99
Tabela 9. Análise de viabilidade populacional do rebanho Suíno Moura, considerando o cenário base e adicionais	100
CAPÍTULO 4	
Tabela 10. Resumo de estudos utilizando ENDOG em suínos e ovinos	121

ÍNDICE DE FIGURAS

FIGURA	PÁGINA
CAPÍTULO 1	
Figura 1. Centros de domesticação das principais espécies	17
Figura 2. Mouflon asiático	18
Figura 3. Hambúrguer de cordeiro ovino	22
Figura 4. Ovinos da raça Bergamácia	26
Figura 5. Suíno Moura	27
Figura 6. Esquema do Vortex de extinção	32
 CAPÍTULO 2	
Figura 1. Proporção entre pais e mães conhecidos por geração em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira. P- pais, GP – avós GGP – tataravós	61
Figura 2. Tamanho efetivo da população por ano de nascimento em um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira	64
Figura 3. Índice de Conservação Genética (ICG) por ano de nascimento em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira	66
Figura 4. Diferença entre as taxas de crescimento determinística (Det.r) e estocástica (Stoch.r) em um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira	69
Figura 5. Número médio total de animais obtido ao final da simulação com o VORTEX, considerando somente a taxa de crescimento estocástico de um núcleo	69
Figura 6. Número médio total de alelos obtidos ao final da simulação em um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira	73
 CAPÍTULO 3	
Figura 1. Tamanho efetivo da população de Suínos Moura do Núcleo de conservação entre os anos 1998 a 2008	94
Figura 2. Comparação entre as taxas de crescimento Det r e Stoch r	97
Figura 3. Representação do coeficiente de endogamia no cenário sem entrada de animais	100
Figura 4. Comparação da evolução do coeficiente de endogamia em diferentes cenários	100
Figura 5. Comparação da evolução do número médio final de alelos em diferentes cenários	102
Figura 6. Comparação do número médio final de alelos entre diferentes cenários	103

Figura 7. Comparação da taxa de crescimento, $Stoch\ r$, entre diferentes cenários de mortalidade de leitões	104
Figura 8. Comparação da evolução da diversidade genética entre diferentes cenários de catástrofes.	105
Figura 9. Comparação da evolução da diversidade genética entre diferentes cenários de catástrofes.	105
Figura 10. Comparação da evolução da diversidade genética e da endogamia no cenário de 500 anos.	106

CAPÍTULO 4

Figura 1. Recorte da reportagem publicada na revista National Geographic de julho de 2011	116
Figura 2. Produtos brasileiros listados na Arca do Gosto	117

INTRODUÇÃO

A evolução dos animais domésticos tem sido influenciada pelo homem ao longo das gerações, bem como a expansão e a localização geográfica das mais diferentes espécies seguiram a rota migratória e o estabelecimento do ser humano nas diferentes regiões do planeta (Egito et al., 2002).

Alguns animais domésticos foram trazidos para o Brasil na época da colonização das Américas pelos portugueses e espanhóis. Entre eles, várias raças ibéricas de ovinos e suínos que, ao longo desses cinco séculos, ficaram sob a ação da seleção natural em determinados ambientes, adquirindo características únicas como rusticidade, prolificidade, doenças encontradas nas mais distintas regiões brasileiras e, provavelmente, resistência a endo e ectoparasitas (Mariante & Cavalcante, 2000).

A partir do início do século XX na América Latina, algumas raças exóticas foram importadas por serem mais produtivas, apesar de terem sido selecionadas para regiões temperadas e não apresentarem as características de adaptabilidade das raças naturalizadas. Mesmo assim, elas substituíram algumas raças nativas de tal maneira que várias, atualmente, encontram-se em perigo de extinção (Mariante & Egito, 2002).

Atualmente, boa parte das raças naturalizadas tem populações pequenas e dispersas. Pequenas populações são instáveis, uma vez que estão mais expostas aos fatores estocásticos que podem levar à extinção, tais como estocacidade demográfica, variação ambiental, deriva genética e depressão endogâmica (Armstrong et al., 2006).

Esses animais têm potencial para a produção no modelo de agricultura sustentável, uma vez que representam a consequência do processo local de adaptação. Ao contrário das raças comerciais, fortemente selecionadas para a produção, as raças locais evoluíram como resultado da seleção natural de séculos, tornando-se fonte de variabilidade genética (Henson, 2004). Mesmo com as raças comerciais, Carneiro et al. (2009) alertam para o modismo, que pode causar sérios problemas. De acordo com esses autores, algumas raças surgem e são utilizadas intensivamente, mesmo sem avaliação genética adequada. Posteriormente, deixam de ser utilizadas e passam a correr risco de extinção, necessitando de programas de conservação genética e de medidas objetivas que visem a sua utilização futura.

A diversidade genética pode ser considerada o pilar da conservação, pois é a base do potencial evolutivo das espécies para que possam responder a mudanças ambientais. A maior parte das populações ameaçadas está subdividida em diferentes grupos de reprodução

e em diferentes fragmentos do habitat, reservas naturais ou em grupos de diferentes raças ou linhagens, ou, no caso de animais domésticos, estão subdivididos em unidades de reprodução mais ou menos interconectadas (Toro & Caballero, 2005).

Atualmente, muitos países estão perdendo seus recursos genéticos, o que é crítico tanto para a segurança alimentar quanto para o desenvolvimento sustentável. Mais de 20% das raças documentadas foram classificadas como em risco de extinção. Um exemplo disso é que, nos últimos cinco anos, 60 raças de animais domésticos foram perdidas, cerca de uma por mês. Muitas outras ainda têm que ser formalmente identificadas e várias podem desaparecer antes mesmo de sabermos qualquer coisa sobre elas (FAO, 2007). Para acabar com essa perda, todas as raças ameaçadas deveriam ser conservadas, mas, devido a restrições financeiras, só é possível estabelecer planos de conservação para aquelas consideradas relevantes para a diversidade. O pré-requisito para a identificação dessas raças é a aplicação de uma medida de diversidade adequada juntamente com as probabilidades de extinção das raças (Simianer et al., 2003).

A falta de informação não justifica a falta de ação, bem como há indicação de que a conservação *ex situ* é de uso limitado para os recursos genéticos animais (Wollny, 2003). Animais dos trópicos possuem baixa produtividade, e seu uso no passado pelas sociedades tradicionais era diferente do atual, pois se passou a atuar em uma economia de mercado. O aspecto mais importante em relação aos animais adaptados aos trópicos é a sua capacidade de sobrevivência em condições difíceis, causadas pelas doenças, pelo calor e pela falta ou baixa qualidade de alimentos (Wollny, 2003).

Nos últimos anos, cresceu o interesse pela preservação de raças menos produtivas, principalmente com a possibilidade de transmissão de alelos de características adaptativas para animais altamente produtivos. Assim sendo, é necessário reunir um volume maior de informações sobre as raças naturalizadas para identificar possíveis alelos relacionados com características quantitativas de interesse, visando desenvolver programas de melhoramento, bem como para auxiliar programas de conservação de germoplasma (McManus et al., 2009a).

Além da conservação, é necessário identificar, caracterizar e disponibilizar esses recursos genéticos. Mas, para isso, é necessário definir um sistema de produção em que essas raças demonstrem um potencial produtivo melhor do que as raças exóticas melhoradas, criando-se assim interesse por parte dos criadores, que perceberão que podem utilizar as raças locais e obter retorno financeiro com menor investimento (Mariante & McManus, 2004).

1.1 Problemática e Relevância

A biodiversidade da agricultura engloba a diversidade de plantas cultivadas e animais domésticos utilizados para a produção de alimentos e outros bens e serviços. A capacidade do sistema agrícola em manter e aumentar a sua produtividade e de se adaptar a mudanças circunstanciais é vital para a segurança alimentar da população de todo o mundo (FAO, 2007).

O estabelecimento de um sistema de criação economicamente viável em determinada região requer a escolha de raças ou variedades que sejam adequadas às condições ambientais locais. A diversidade entre as raças de animais domésticos de produção tem sido exposta a uma alta taxa de erosão, como consequência de mudanças no sistema de produção, nas condições de criação e nas demandas do mercado. Devido à velocidade desse processo, a extinção ultrapassou a criação de novas raças e variedades, levando a uma grande perda na variabilidade genética (Gandini et al., 2004).

Os objetivos da conservação das raças podem mudar ao longo do tempo com as condições da população: desde o mais básico, de evitar a extinção e manter a diversidade genética ou o valor cultural da raça, até assegurar condições para sua evolução (Gandini et al., 2004). Um argumento comum para a conservação das raças naturalizadas é a resistência a doenças, pois afeta a conservação de várias maneiras. Raças ou populações ameaçadas são frequentemente as que têm grande variabilidade de adaptação a ambientes hostis ou resistência a enfermidades (McManus et al., 2009a, 2009b, 2009c; Amarante et al., 2004).

Outro argumento para a conservação da diversidade genética é o de que essa diversidade pode ser necessária para atender às demandas futuras do mercado e mudanças no ambiente de produção (Gandini et al., 2004).

A biologia da conservação tem dois objetivos, a avaliação e o manejo da diversidade, que podem ser realizados no nível das populações, comunidades ou do ecossistema. A avaliação envolve definir o estado atual de ameaça da população, projeções futuras e a identificação de ameaças à persistência dessa população. O manejo da diversidade genética abarca a identificação e a implementação de soluções para garantir a persistência, considerando que um dos objetivos do estudo da conservação é prevenir a extinção das populações (Gerber & González-Suárez, 2010).

A análise de viabilidade populacional (PVA) é um processo que abrange a avaliação de dados demográficos da população e faz um modelo para estimar a probabilidade de extinção e outras medidas, por um período arbitrariamente escolhido no futuro (Boyce,

1992). Geralmente, é realizada por meio de análises em um programa de computador que incorpora ameaças identificáveis para a sobrevivência e transformam as análises em modelos do processo de extinção (Boyce, 1992; Miller & Lacy, 2005).

O estudo da genética molecular tem sido utilizado para a análise de populações de animais domésticos (Spritze et al., 2003; Serrano et al., 2004; Egito et al., 2005; Carneiro et al., 2007a; Egito et al., 2007; Paiva & McManus, 2012). Entretanto, as informações de *pedigree* continuam sendo importantes para esses estudos e têm a vantagem do baixo custo e da simplicidade de obtenção em comparação ao uso de marcadores moleculares (Carneiro et al., 2009).

1.2 Objetivos

1.2.1 Objetivo Geral

Validar e aprimorar uma metodologia de avaliação para a conservação de rebanhos de pequeno efetivo populacional, a partir da integração de ferramentas de simulação do risco de extinção, marcadores moleculares e análise de *pedigree*.

1.2.2. Objetivos Específicos

- a) Avaliar a viabilidade populacional de um rebanho ovino naturalizados da raça Bergamácia Brasileira a partir da modelagem dos seus índices demográficos e genéticos; e
- b) Avaliar a viabilidade populacional de uma granja de suínos naturalizados da raça Moura a partir da modelagem dos índices demográficos e genéticos.

REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Origem e Domesticação dos Ovinos e Suínos

As mais de 40 espécies de animais que contribuem atualmente para a produção de alimento foram modeladas por uma longa história de domesticação e desenvolvimento. As pressões de seleção resultantes de fatores ambientais, a reprodução e o acasalamento impostos pelos homens se combinaram para produzir uma grande variedade de raças geneticamente distintas (FAO, 2007). Durante os anos subsequentes após as primeiras domesticações, as forças evolucionárias foram principalmente a mutação, o cruzamento seletivo, a adaptação, o isolamento e a deriva genética. Essas forças criaram a enorme diversidade das populações locais (Groenvelde et al., 2010).

Essa diversidade, desenvolvida por milhares de anos, é um recurso valioso para os criadores de animais de hoje. Os rebanhos com maior variabilidade genética oferecem mais possibilidades para atender futuras mudanças, sejam associadas a mudanças ambientais, novas doenças, nova necessidade nutricional humana, flutuações das condições de mercado ou mudanças nas necessidades da sociedade (FAO, 2007; Edmands, 2007).

A domesticação dos animais e das plantas se iniciou há aproximadamente 12 mil a 14 mil anos durante a revolução do início do neolítico. Esse controle sobre a produção de alimento levou a grandes mudanças na demografia, tecnologia, política e nas guerras. A domesticação de animais e plantas é considerada um dos mais importantes desenvolvimentos da história e um dos pré-requisitos para o surgimento da civilização humana (Diamond, 2002).

Dentre as 148 espécies do mundo de animais não carnívoros que pesam mais do que 45 kg, somente 15 foram domesticadas. Dessas, 13 são originárias da Europa e Ásia e duas da América do Sul (Figura 1). Somente seis estão localizadas em todos os continentes: bovinos, ovinos, caprinos, suínos, equinos e asnos. A proporção é ainda menor no caso das aves, com somente 10 espécies domesticadas dentre, aproximadamente, as 10 mil espécies catalogadas. As espécies de aves domesticadas são: galinha, pato doméstico, pato Muscovy, ganso, galinha da angola, avestruz, pombo, codorna e peru. Com a exceção do javali selvagem (*Sus scrofa*), os ancestrais e os parentes selvagens da maior parte dos animais de rebanho domesticados estão extintos ou altamente ameaçados. Nessas espécies, os animais domesticados são os únicos detentores da grande diversidade dos ancestrais selvagens (FAO, 2007).

As características essenciais para o sucesso da domesticação incluem características de comportamento, como a ausência de agressividade contra humanos; um forte instinto gregário, incluindo uma hierarquia com um líder, o que permite ao humano substituir esse líder; uma tendência de não entrar em pânico quando confinado; a habilidade de reproduzir em cativeiro; características fisiológicas como uma dieta que possa ser facilmente fornecida pelos humanos (herbívoros e não carnívoros); rápida taxa de crescimento; e intervalo entre nascimentos relativamente curtos (Diamond, 2002).



Figura 1. Centros de domesticação das principais espécies domésticas (Fonte: FAO, 2007).

Espécies de animais: 1 – Peru; 2 – Lhama, alpaca; 3 – Porco, coelho; 4 – Bovino, jumento; 5 – Bovino, porco, cabra, ovelha, camelo; 6 – Bovino, cabra, galinha, búfalo; 7 – Cavalo; 8 - Yaki ; 9 – Porco, búfalo, galinha; 10 – Galinha, porco, bovino; 11 – Dromedário; 12 – Rena

Os ovinos foram provavelmente primeiro domesticados no Crescente Fértil, aproximadamente há 8 mil a 9 mil anos. Três espécies de ovinos selvagens foram propostas como as ancestrais dos ovinos domésticos: A Urial, *Ovis vignei*; a Argali, *Ovis ammon*; e a Mouflon Eurasiático, *Ovis musinomialis*. Entretanto, estudos genéticos recentes indicam que o Mouflon asiático (*Ovis orientalis*), (Figura 2), que é encontrado em uma vasta região que vai da Turquia ao Irã, é o único ancestral do ovino doméstico (Taberlet et al., 2008).

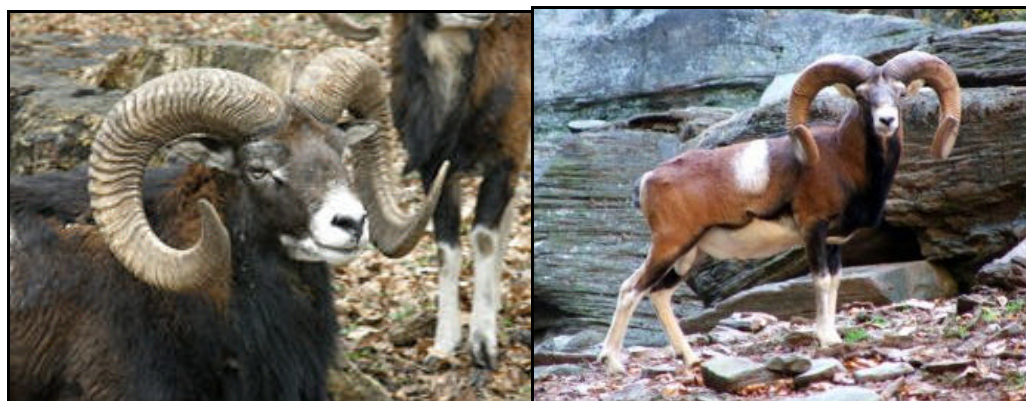


Figura 2. Mouflon asiático (Fonte: http://www.think-differently-about-sheep.com/sheep_Breeds.htm).

O ancestral do suíno doméstico é o javali (*Sus scrofa*), e estudos indicam que ele foi domesticado há aproximadamente 9 mil anos no Oriente Próximo. Estudos arqueológicos e genéticos indicam um segundo grande e independente centro de domesticação no leste da Ásia. Pelo menos 16 subespécies diferentes de javalis foram descritas na Eurásia e no norte da África, o que pode explicar a existência de pelo menos cinco ou seis centros distintos de domesticação dessa espécie (Larson et al., 2006).

A expansão das espécies domésticas seguiu a rota migratória e o estabelecimento do ser humano nas mais diversas regiões. Assim sendo, quando a América foi colonizada, as raças ibéricas foram trazidas pelos portugueses e espanhóis. Elas evoluíram, ao longo dos séculos, adaptando-se às condições sanitárias, de clima e de manejo encontradas nos diferentes habitats, dando origem às raças naturalizadas brasileiras (Egito et al., 2002).

2.2. Importância dos Recursos Genéticos Animais no Brasil e no Mundo

A população mundial de ovinos é de um pouco mais de 1 bilhão de animais, quase um para cada seis pessoas. Cerca de metade desse total está na Ásia e no Oriente Médio, e somente 8% se encontram na América Latina e no Caribe. Os ovinos são a espécie com o maior número de raças registradas, contribuindo com 25% do total global de mamíferos de produção. As Américas concentram 15% da população mundial de suínos. Essa espécie contribui com 12% para o número total de mamíferos registrados no mundo (FAO, 2007).

No Brasil, o efetivo de ovinos em 2010 foi de 17,4 milhões de cabeças, com aumento de 3,4% em relação a 2009 (IBGE, 2012). O maior aumento do rebanho de ovinos foi registrado na região Centro-Oeste do Brasil, 12,4%, alavancado pelo crescimento de

24,1% em Mato Grosso, cujo efetivo em 2011 ultrapassou o de Mato Grosso do Sul, até então o estado mais representativo nessa região. O maior efetivo nacional de ovinos é o da região Nordeste, representando 56,7% de todo o País. Esses animais são, na sua maioria, para a produção de carne, com raças deslanadas. A região Sul tem o segundo maior rebanho, com 28,1% desse plantel, sendo o Rio Grande do Sul o estado com o maior número de animais (IBGE, 2012).

O efetivo de suínos no ano de 2010 foi de 38,957 milhões de animais, um aumento de 2,4% com relação ao ano anterior (IBGE, 2010). Desde 2003, o rebanho desses animais apresenta expansão constante. Os estados do Sul respondem por 48,5% do efetivo brasileiro. O estado de Santa Catarina, com 20,1%, tinha o maior efetivo de suínos do País. Entretanto, aumentos significativos de efetivos foram observados nas regiões Centro-Oeste e Sudeste, respectivamente, 7,6% e 6,6% (IBGE, 2010).

No ano de 2010, a economia brasileira cresceu 5,4% e teve a seguinte composição: o Produto Interno Bruto (PIB) da agropecuária cresceu 5,3%, o PIB da indústria teve expansão de 4,9% e o PIB de serviços aumentou 4,7% (Estadão, 2011). Naquele ano, houve um aumento de 6,6% no abate de suínos em relação ao ano de 2009. Em 2010 um total de 8 milhões de cabeças foram abatidas e, desde o 3º trimestre de 2008, o volume de suínos abatidos vem superando o de bovinos (IBGE, 2012).

2.3. Situação Atual e Importância das Raças Naturalizadas

Por aproximadamente 10 mil anos, os criadores manejaram seus rebanhos em ambientes diferentes, levando à adaptação dos animais às condições locais (Ajmone-Marsan & The Globaldiv Consortium, 2010). Nos últimos séculos, a variabilidade genética presente nos animais de produção possibilitou a formação de raças com padrões bem estabelecidos para vários propósitos, com diferentes níveis de desempenho (Groeneveld et al., 2010). Os animais passaram a ser selecionados por características uniformes e visíveis, e os cruzamentos eram, na maioria, entre animais com fenótipos parecidos (Ajmone-Marsan & The Globaldiv Consortium, 2010). Durante as últimas décadas, o foco dado em programas de seleção mais eficientes acelerou o melhoramento genético de algumas raças, principalmente com o uso de biotecnologias como inseminação artificial e transferência de embriões. Adicionalmente, melhorias nas tecnologias de alimentação e nos sistemas de transportes e comunicação levaram a um sistema de produção controlado e uniforme, acelerando a substituição das raças locais por outras altamente produtivas (Groeneveld et al., 2010).

Espera-se que a demanda por produtos pecuários nos países em desenvolvimento dobre nos próximos 20 anos devido ao crescimento populacional e à urbanização (FAO, 2007). O maior desafio para a produção de alimentos na agricultura será o crescimento da população humana dos atuais seis bilhões para nove bilhões em 2050 (Oldenbroek, 2007).

Devido ao aumento da demanda por alimentos e produtos de origem animal, produtores de vários países em desenvolvimento decidiram estabelecer programas de seleção e melhoramento genético, que, inevitavelmente, levaram à diluição do germoplasma local por meio do intenso cruzamento com raças exóticas, altamente produtivas, desenvolvidas para os países de clima temperado. Muitos desses programas falharam, uma vez que os animais introduzidos apresentaram índices produtivos menores do que os naturalizados (Mariante & Egito, 2002).

De acordo com McManus et al. (2005), em muitos desses casos a introdução de um recurso genético necessariamente promoveu desenvolvimento econômico e ainda potencialmente reduziu a diversidade genética. Para determinar a adequação de uma raça em um sistema de produção, é necessário entender a capacidade e a função dela como parte do sistema, determinando um nicho de mercado. A seleção de raças importadas tem sido baseada em análises parciais, em que as raças produzem maior ou menor quantidade de leite, carne ou lã. Frequentemente, faltam considerações ambientais ou produtividade vitalícia.

Em geral, as raças exóticas são escolhidas em detrimento das naturalizadas, e os esforços para desenvolvê-las são limitados (Paiva & McManus, 2012). Os governos, as cooperativas ou associações muitas vezes favorecem a introdução e propagação de determinadas raças; entretanto, os agricultores precisam alimentar melhor e, muitas vezes, cuidar de forma mais intensa dos animais exóticos. Com frequência, a ocorrência de um desastre natural, como seca prolongada, demonstra que os animais exóticos são frequentemente os primeiros a adoecer ou morrer em condições adversas (Paiva & McManus, 2012).

Vários estudos mostram as vantagens dos animais naturalizados sobre os comerciais (Amarante et al., 1999; Matika et al., 2003; Baker et al., 1999). A raça exótica pode ser superior quando monitoramos cada componente de produção, como tamanho de ninhada, produção de leite ou taxa de crescimento, mas, mesmo assim, os produtores são induzidos a usar machos exóticos nos seus rebanhos (McManus et al., 2011). Estudos com medidas de fertilidade, mortalidade de animais jovens e longevidade em adultos verificaram que animais de raças naturalizadas resultaram em maior retorno econômico para os criadores

(Setshwaelo, 1989), consequência, em parte, da resistência a ectoparasitas e outras doenças, tolerância ao calor e capacidade de uso de alimentos em menor quantidade e qualidade. De acordo com Hill (2000), a manutenção da variabilidade genética em uma população, doméstica ou selvagem, justifica-se na importância de garantir respostas à seleção no curto e longo prazo e para fins de conservação.

Os animais de fazenda são adaptados a desafios específicos, algumas raças são mais adaptadas ao perfil atual de exigências e, portanto, são localmente ou globalmente mais bem sucedidas do que outras raças. Analisando economicamente as espécies de animais de fazenda mais importantes, bovinos, suínos e galinhas têm aproximadamente meia dúzia de raças ou linhagens comerciais que são competitivas globalmente (Simianer, 2005).

A diversidade genética dos rebanhos está continuamente diminuindo em todo o mundo, com uma perda rápida de recursos genéticos não caracterizados. De um total de 1491 raças registradas, 20% estão classificadas como “em risco” (FAO, 2007). De acordo com a FAO (2007), os bovinos são a espécie de mamífero com o maior número de raças em perigo, seguido pelos equinos, coelhos e suínos. Dentre as espécies de animais domésticos, várias raças não têm o grau de ameaça conhecidos. Essa falta de dados é uma limitação grave para a priorização e o planejamento eficaz de medidas de conservação de raças (FAO, 2007).

Para minimizar a ameaça de extinção enfrentada pelas raças naturalizadas brasileiras, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen) incluiu, em 1983, a conservação dos recursos genéticos animais no seu programa de conservação com o objetivo de evitar que a variabilidade genética das raças brasileiras em perigo de extinção seja perdida (Egito et al., 2002).

De acordo com McManus et al. (2005), o estabelecimento de um sistema de criação economicamente viável em determinada região requer a escolha de raças ou variedades que sejam adequadas às condições ambientais locais. É importante que o uso econômico de cada uma das raças conservadas seja identificado. A pesquisa sozinha não será capaz de conservar as raças ameaçadas, sendo fundamental uma parceria com criadores particulares para o sucesso desse programa.

A habilidade das raças locais de produzirem e serem criadas em ambientes não favoráveis, como montanhas ou regiões áridas, devido à rusticidade, deve ser avaliada, bem como a produtividade delas em relação ao ambiente. A adaptação única a um ambiente específico é bem ilustrado pelo caso das raças crioulas. Essas populações combinam características herdadas dos seus ancestrais, moldadas pelas condições do ambiente e de manejo em que elas foram criadas (Verrier et al., 2005).

Ainda de acordo com esses autores, os produtos locais têm apelo, pois combinam a dinâmica da conservação da raça e lucratividade econômica. Quando tais produtos são bem recebidos no mercado, a produção tende a crescer. O risco nesse caso é a queda da qualidade de produção, o que pode ser evitado com a organização dos criadores e o estabelecimento de padrões de qualidade.

Um bom exemplo desse tipo de produto é o hambúrguer de carne de cordeiro da raça Somali, produzido no interior de São Paulo, que pode ser encontrado no mercado brasileiro (Figura 3). Na embalagem desse produto, fica, além de clara a origem, é fornecido um breve histórico e uma explicação sobre a raça.



Figura 3. Hambúrguer de cordeiro ovino (Fonte: arquivo pessoal).

O ambiente para a produção animal mudou nos últimos 50 anos e tudo indica que irá continuar mudando nos próximos 50 da mesma forma. O mesmo se aplica para as exigências do mercado, como, por exemplo, há 50 anos a demanda era por suínos do tipo banha e, atualmente, são mais valorizados os do tipo carne (Simianer, 2005). Estudos sobre produção animal em diversos países têm mostrado que haverá necessidade de substituir raças e espécies em sistemas de produção nos próximos 30 anos (Seo & Mendelsohn, 2008; Wolfe et al., 2008; Yahdjian & Sala, 2008), devido a mudanças no ambiente e nas demandas de mercado.

O valor econômico dos recursos genéticos animais tem um papel central no desenvolvimento das decisões políticas e de manejo, bem como no desenvolvimento de um programa de reprodução e conservação. O valor do melhoramento genético em um programa de produção intensivo é maior para características de produtividade, sobrevivência e

reprodução (Ajmone-Marsan & The Globaldiv Consortium, 2010). Esses autores ainda observam que, ao contrário, em sistemas de produção extensivos, é dado maior valor para a adaptação: resistência a doenças, força de tração e melhor aproveitamento nutricional.

Dependendo do ambiente, genótipos diferentes podem responder de maneiras diferentes. Sem estresse ambiental, os genótipos de raças altamente produtivas e selecionadas podem se expressar. Em ambientes adversos, animais selecionados/adaptados para características de “*fitness*” podem produzir melhor. Essas características incluem os desafios a carrapatos, parasitas internos, à forragem de baixa qualidade e à nutrição altamente variável em termos de quantidade ou qualidade, bem como temperatura ambiental (McManus et al., 2005).

Entretanto, o espaço no mercado para os produtos locais ou de raças naturalizadas ainda é limitado, e o número de produtos não é grande. Como resultado, o marketing pode se tornar um ponto crítico no sucesso do novo projeto. Além disso, os produtos locais geralmente são mais caros e seu êxito irá depender do poder de compra dos consumidores (Verrier et al., 2005).

De acordo com Notter (1999), as oportunidades para utilização de uma grande quantidade de raças variam entre as diferentes espécies domésticas. Para espécies de pastoril (bovinos, ovinos e caprinos), as oportunidades de uso e manutenção da variabilidade genética continuam altas. A diversidade de ambientes de produção, a grande adaptação para alimentação desses animais e a variedade de produtos (carne, leite e lã) garantem demanda para o uso de animais com características diversificadas.

A diversidade genética nas espécies de animais de produção é a fonte para realizar mudanças nas características fenotípicas de uma população. Essas características podem ser divididas em características de produção (quantidade e qualidade) e de “*fitness*” (adaptação, conformação, fertilidade e resistência a doenças). A variabilidade genética para a produção é a base para a seleção aplicada em programas de reprodução para o melhoramento genético da população. A variabilidade genética em “*fitness*” pode ser afetada pela seleção nos programas de reprodução, por exemplo, a seleção para a produção de leite tem um efeito negativo na fertilidade de vacas leiteiras. A variabilidade genética é a base para a seleção natural, que facilita a adaptação da população ao ambiente e é a base para a seleção nas populações comerciais (Oldenbroek, 2007).

Outro ponto importante para a conservação genética é a resistência a doenças. A resistência a doenças é concebida como um dos desafios futuros para a genética e o manejo

animal, com possíveis soluções para muitos problemas atuais e futuros presentes nas populações (McManus et al., 2010a).

Não existe um sistema de reconhecimento e definição dos fatores que medem o status da ameaça de uma raça de animal de produção. Muitos fatores têm sido identificados e detalhados (Ruane, 2000), mas ainda falta a padronização da definição e das medidas mais significantes. Os procedimentos adotados pelas agências governamentais de vários países e por diversas ONGs empregam diferentes princípios, o que dificulta a interpretação e, em alguns casos, propõe princípios conflitantes para a identificação e categorização da ameaça (Alderson, 2009).

De acordo com Blasco (2008), não existe um consenso sobre a definição do que é uma raça. Isso tem uma série de implicações, como, por exemplo, não é possível determinar quantas raças existem no mundo. A informação do programa DAD-IS da FAO de que existem mais de 13 mil raças de animais pode estar incluindo nesse número suínos híbridos comerciais ou raças que existem em outras regiões, mas que receberam nomes diferentes, por exemplo.

Atualmente, a movimentação de animais, seja em nível local, regional ou transcontinental, está aumentando devido ao comércio de raças altamente produtivas, a novas tecnologias de reprodução e ao aumento da demanda por produtos animais. Essa dispersão está restrita a algumas raças e, quase exclusivamente, envolvendo a transferência dos países desenvolvidos para os em desenvolvimento, representando uma grande ameaça à conservação e utilização dos recursos genéticos animais nativos (FAO, 2007).

Uma gestão eficaz dos recursos genéticos dos animais requer o conhecimento abrangente das características raciais, incluindo dados sobre a dimensão e estrutura da população, distribuição geográfica, o ambiente de produção e a diversidade genética dentro das raças e entre elas (Groeneveld et al., 2010).

Historicamente, a maior parte das raças é localizada em uma região e várias raças locais adaptadas ao local de origem permaneceram concentradas em uma área geográfica restrita. A distribuição geográfica de algumas raças pode torná-las vulneráveis. Elas estão em risco, caso a área for suscetível a alguma doença endêmica, sem mencionar a possibilidade de maiores taxas de endogamia (Alderson, 2009).

Como princípio geral, o tamanho da população é negativamente relacionado com a perda da diversidade genética. Entretanto, algumas raças com uma população global ou regional grande podem ter a diversidade ameaçada devido ao uso de reprodutores relacionados, como, por exemplo, as principais raças zebuínas criadas no Brasil: Nelore, Gir e

Guzerá. Trabalhando com essas raças, Faria et al. (2009) perceberam que elas estão sofrendo uma perda da variabilidade genética e redução do tamanho efetivo da população (N_e), principalmente devido à utilização em larga escala de um pequeno número de reprodutores. Esses mesmos autores observaram uma redução no N_e de 85 para 68 para a raça Nelore; de 70 para 45 na Gir; e para a raça Guzerá manteve-se constante em 104 pelo período do estudo, registros entre os anos de 1938 a 1998.

Trabalhando com as cinco principais raças leiteiras dos Estados Unidos, Weigel (2001) observou que as taxas de endogamia em raças numericamente pequenas, como a *Guernsey*, não são substancialmente diferentes daquelas numericamente maiores, como a *Holstein*. As estimativas do tamanho efetivo da população das raças *Ayshire*, *Brown Swiss*, *Guernsey*, *Holstein* e *Jersey* são, respectivamente, 161, 61, 65, 39 e 30. De acordo com esse mesmo autor, o tamanho efetivo da população global dessas raças não deve ser muito diferente, pois os reprodutores de elite são fortemente usados por diversos países.

Segundo Blasco (2008), o argumento geral para a manutenção da variabilidade genética entre as raças e dentro das raças é que algumas dessas têm alelos que outras não têm e esses podem ser úteis no futuro. Entretanto, os recursos para a conservação são limitados, e o uso deles deve ser organizado em ordem de preferência, não sendo possível a conservação de todas as raças ameaçadas.

Com recursos limitados, não é possível impor esquemas de conservação em todas as raças. Muitas dessas são membros de grupos de raças, como os ovinos Merino e os suínos Landrace, que podem ser facilmente substituídos por outras raças (Simianer, 2005). Uma raça altamente ameaçada com apenas alguns poucos animais pode estar tão geneticamente erodida, devido à endogamia e à deriva genética, que o esforço de manutenção não teria relação com sua contribuição genética para a diversidade dentro da espécie (Ruane, 2000). Entretanto, objetivando a conservação para maximizar a diversidade futura, a decisão racional seria sacrificar raças altamente ameaçadas e assegurar a permanência das que estejam em uma posição mais segura (Simianer, 2005).

Priorizar o esforço da proteção à biodiversidade é um desafio ambiental e político. Métodos para determinar as prioridades da conservação são importantes, um vez que a recuperação e a proteção de espécies ou raças ameaçadas irão depender em grande parte dos recursos disponíveis para a conservação. Uma maneira é utilizar esses recursos financeiros nos projetos de conservação ou nas localidades em que se tenha o maior retorno biológico por dólar investido (Newbold & Siikamaki, 2009).

2.4. Caracterização das Raças Naturalizadas

2.4.1. Raça Bergamácia Brasileira

Dentre as raças lanadas naturalizadas, a Bergamácia Brasileira (Figura 4) pode ser considerada mista, produzindo tanto lã, quanto leite e carne. É uma raça rústica originária da região da Lombardia na Itália (Oklahoma State University, 2012) que se adaptou bem às regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste do Brasil (Vieira, 1967). Contudo, sua introdução no Brasil é relativamente recente, datando do início do século XX (Miranda, 1990).



Figura 4. Ovinos da raça Bergamácia (Fonte: Landim, 2005)

Acredita-se que foram introduzidos no Brasil na década de 1930 juntamente com a imigração italiana (Paiva et al., 2005) e, uma vez difundidos no País, foram gradualmente substituídos por outras raças, especialmente deslanadas, tanto que atualmente estão em perigo de extinção. No Brasil, a raça Bergamácia é considerada de tripla aptidão, carne, leite e lã, entretanto, na Itália, é considerada somente para a produção de carne e lã (Oklahoma State University, 2012). Recentemente, houve certo interesse nessa raça para a produção de queijo, o que não é tradicional nos rebanhos remanescentes brasileiros (Paiva et al., 2005).

2.4.2. Raça Suíno Moura

A raça de suíno Moura (Figura 5) está disseminada principalmente nos estados do Sul do País. Suas principais características são a prolificidade, o comprimento e a rusticidade (McManus et al., 2010b).

O Ministério da Agricultura reconheceu essa raça em 1990 e ela foi registrada no livro “Pig Book” Brasil. Entre os anos de 1990 e 1995 foram registrados 1668 animais na Associação Brasileira de Criadores de Suínos (ABCS) no estado do Paraná. Entretanto, em 1995, nenhum registro da raça foi emitido pela ABCS. Em 2003, a Embrapa Suínos e Aves iniciou a formação de um plantel de suínos dessa raça a partir de 12 fêmeas e três machos. A partir de então, novos registros foram expedidos pela ABCS, mas, nos últimos quatro anos, não houve registro genealógico da raça (McManus et al., 2010b).



Figura 5. Suíno Moura (Fonte: www.centraldocampo.com.br/animais).

2.5. Dinâmica de Pequenas Populações

A maior parte das raças locais persiste como populações pequenas e dispersas. Pequenas populações são instáveis, estando mais expostas aos fatores estocásticos que podem levar à extinção (Armstrong et al., 2006). Fator estocástico é algo determinado por um elemento aleatório, apresentando resultados variáveis descritos por uma distribuição de probabilidades (Frankham et al., 2008).

Os processos estocásticos que impactam sobre as populações são divididos nas seguintes categorias, de acordo com Frankham et al. (2008):

- 1) Estocacidade ambiental: flutuações naturais nas condições ambientais, como chuvas, disponibilidade de alimento, competidores, temperaturas no inverno, entre outros;
- 2) Estocacidade demográfica: flutuações naturais nas taxas de nascimento e morte e na razão sexual. Assumindo que a determinação dos nascimentos e das mortes são processos de amostragem aleatórios, a variação anual no número de nascidos e mortos e a razão sexual seguem a distribuição binomial. Tal estocacidade demográfica pode ser mais importante para a viabilidade populacional em populações com menos do que poucas dezenas

de indivíduos. Nesses casos, a frequência anual de nascimentos, mortes e razão sexual pode desviar bastante da média esperada;

3) Catástrofes: eventos ambientais extremos, como ciclones, terremotos, queimadas, enchentes, ataques, erupções vulcânicas e epidemias; e

4) Estocacidade genética (deriva genética): efeitos genéticos em pequenas populações que têm um elemento aleatório, incluindo o endocruzamento, o que causa a perda da diversidade genética.

Populações de tamanho reduzido estão expostas a flutuações aleatórias das frequências dos alelos (Gandini et al., 2004). Os filhos recebem metade do material genético de cada progenitor, logo, os alelos passados para a próxima geração são uma amostra dos alelos da geração parental, e quanto menor for o número de pais, maior será a variação da amostragem (Falconer, 1987). Existe um importante elemento aleatório nessa transmissão de alelos entre as gerações, o que pode ocasionar que alguns alelos dos pais nunca sejam transmitidos para os filhos, enquanto outros podem ser frequentes (Simm, 1998). Dessa forma, a frequência alélica está sujeita à variação causada pela amostragem entre gerações sucessivas (Falconer, 1987).

Esse processo de flutuação das frequências dos alelos de uma geração para outra é chamado de deriva genética. A deriva genética é a alteração das frequências alélicas de uma população, em razão unicamente do acaso, que ocorre com maior intensidade quando a população sofre uma redução drástica do seu tamanho efetivo (Falconer & Mackay, 1996).

A deriva genética causa impactos importantes sobre a evolução de populações pequenas, determinando maior importância do acaso em populações pequenas do que nas grandes. A amostragem dos gametas dentro de pequenas populações pode causar a perda da diversidade genética e fixação de alelos dentro das populações com consequente redução do potencial evolutivo e da diversificação entre subpopulações (Crow & Kimura, 1970).

Em uma população grande, na ausência de migração, seleção ou mutação as frequências alélicas permanecem inalteradas, de geração em geração. Essa propriedade de estabilidade não se mantém em uma pequena população devido à amostragem dos gametas. A deriva genética pode ter três importantes consequências, de acordo com Falconer (1987):

1) Diferenciação entre subpopulações. Os indivíduos de uma grande área acasalam com os habitantes da mesma região. Portanto, populações naturais são mais ou menos subdivididas, e o processo amostral tende a causar diferenças entre elas;

2) Redução da variabilidade genética dentro de uma pequena população. Os indivíduos da população tornam-se, gradualmente, mais semelhantes com frequências genotípicas parecidas; e

3) Aumento na frequência dos homozigotos e um decréscimo na frequência dos heterozigotos. Os heterozigotos são mais frequentes quando as frequências alélicas são intermediárias. O afastamento das frequências em direção aos extremos (fixação ou perda de alelos) leva a um decréscimo na frequência de heterozigotos.

Nas condições de reprodução dos animais de fazenda, o equilíbrio de Hardy-Weinberg é raramente encontrado, portanto, esperam-se mudanças nas frequências alélicas e nos genótipos nesses animais (Simm, 1998).

Em populações pequenas, o acasalamento entre indivíduos aparentados é inevitável. Com o tempo, todos os indivíduos tornam-se relacionados de tal maneira que não é mais possível o acasalamento entre indivíduos não relacionados. Isso pode ser não apenas uma consequência do reduzido tamanho populacional (Frankham et al., 2008), mas também, o, resultado do uso intensivo de inseminação artificial (Garnero et al., 2008).

O acasalamento de indivíduos relacionados por ascendência é denominado endogamia. Para ser considerado um cruzamento endogâmico, qualquer par de indivíduos deve ser relacionado por um ou mais ancestrais comuns no passado, e quanto menor for o tamanho da população, em gerações anteriores, menos remotos serão os ancestrais comuns. Portanto, pares acasalados ao acaso são mais proximamente aparentados em uma população pequena do que em uma população grande (Falconer, 1987).

A endogamia tende a fixar alelos, sejam favoráveis ou desfavoráveis, em alguns locos. Espera-se, portanto, que a resposta total e sua duração sejam reduzidas, causadas pela redução na variância genética aditiva. Teoricamente, quando a resposta à seleção diminui, a população pode estar no limite da seleção, que, ao ser alcançado, indica que todos os locos foram fixados (Carneiro et al., 2007a). Vários autores mostraram que a endogamia pode ser reduzida evitando-se o acasalamento entre parentes (Toro & Peres-Enciso, 1990; Leitch et al., 1994; Caballero et al., 1996; Wang, 1997; Cunha et al., 2003), enquanto Carvalho et al. (2007) ressaltaram a possibilidade de combinação de acasalamento preferencial positivo e imposição de restrição sobre endogamia como meio de se alcançar maior progresso genético.

A endogamia é importante no estudo da conservação, pois causa redução na heterozigosidade, redução da reprodução e sobrevivência (vigor reprodutivo) e aumento do

risco de extinção (Frankham et al., 2008). A endogamia não é um componente da deriva genética, mas está correlacionada com pequenas populações (Edmands, 2007). Por esse motivo, as propriedades das pequenas populações podem ser tratadas como consequências da endogamia (Falconer, 1987).

A endogamia não altera a frequência dos alelos; somente dos genótipos (Edmands, 2007; Falconer, 1987). Dessa forma, aumenta a frequência de homozigotos e expõe alelos recessivos deletérios (Frankham et al., 2008). Logo, uma mudança na média da população está ligada a uma diferença de valor genotípico entre homozigotos e heterozigotos (Vasconcelos et al., 2005).

A consequência mais perceptível da endogamia é a redução do valor médio fenotípico, percebida pelas características relacionadas com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica. A perda do vigor reprodutivo devido à endogamia pode ser denominada como depressão endogâmica (Falconer, 1987). A depressão endogâmica de uma característica refere-se ao valor médio das linhagens dentro de uma população básica. A média da população refere-se à população como um todo, e a depressão endogâmica refere-se à redução dessa média da população (Schenkel et al., 2002; Queiroz et al., 2000; Swalve et al., 2003).

A endogamia é um processo difícil de ser evitado em populações fechadas (Oliveira et al., 1999), particularmente naquelas em que a seleção é praticada para apenas uma característica. Hudson & Van Vleck (1984) mencionaram que a endogamia pode reduzir a produção de leite e gordura, aumentar a taxa de mortalidade de bezerros, bem como influenciar adversamente a habilidade reprodutiva de novilhas e vacas. Smith et al. (1998) relataram diminuições nas produções de leite, gordura e proteína de, respectivamente, 37,2, 1,2 e 1,2 kg para cada acréscimo de 1% de endogamia. De acordo com Franck (1997), o nível de 6,25% é considerado por muitos autores o nível máximo de endogamia individual, a partir do qual haveria comprometimento dos desempenhos reprodutivo e produtivo dos animais.

Existem duas hipóteses para a base genética da depressão endogâmica: sobredominância e dominância. De acordo com a hipótese da sobredominância, a depressão endogâmica pode ser atribuída à superioridade dos indivíduos heterozigotos sobre os homozigotos. A hipótese da dominância determina que a depressão endogâmica é causada pela expressão de alelos deletérios recessivos quando em homozigose (Edmands, 2007; Frankham et al., 2008). A contribuição de cada loco vai depender também das frequências alélicas, uma vez que aqueles com frequências intermediárias terão o maior efeito na mudança do valor médio (Falconer, 1987). Segundo Muir (2000), o primeiro impacto da endogamia é a

perda de alelos decorrente da deriva genética, que é diretamente proporcional aos níveis de endogamia.

Mesmo que a perda imediata de “*fitness*” dos animais endogâmicos não seja grande, a perda da variação genética que resulta da deriva genética pode reduzir a habilidade de adaptação da população a futuras mudanças no ambiente (Miller & Lacy, 2005).

Segundo Caballero (1994), Sanchez et al. (1999) e Bijma & Woolliams (2000), a seleção artificial acarreta decréscimo no tamanho efetivo da população. A redução no tamanho efetivo pode ter importância considerável na conservação genética das populações de pequenos núcleos ou daquelas submetidas à seleção (Carneiro et al., 2007b). Existe uma perda da variabilidade genética em todas as raças como resultado da seleção e da deriva genética, mas raças com uma pequena população reprodutiva correm maior risco de uma rápida erosão genética. O resultado é o aumento da endogamia, o que pode ter consequências indesejáveis, como a depressão endogâmica ou, menos frequentemente, a expressão maior de defeitos genéticos (Alderson, 2009; Swalve et al., 2003).

Outra categoria de fator que pode levar à extinção de uma espécie são os fatores determinísticos, que são aqueles processos que têm uma direção e magnitude relativamente consistentes. A maioria desses fatores que causam declínio e extinção está direta ou indiretamente associada às ações humanas, como: destruição do habitat para desenvolvimento urbano ou da agricultura, superexploração de uma espécie para uso comercial ou recreativo, poluição inadvertida, aplicação deliberada de produtos químicos e introdução de espécies exóticas intencionalmente ou por acidente (Miller & Lacy, 2005).

A pressão humana no ambiente está tornando as populações de animais selvagens e domésticos fragmentadas e vulneráveis à depressão endogâmica e perda do potencial evolutivo (Edmands, 2007), com redução nas taxas de nascimento e sobrevivência (Taberlet et al., 2008). Pequenas populações tendem a ser endogâmicas, demograficamente instáveis e vulneráveis a flutuações ambientais, o que reduz ainda mais o tamanho populacional (Gilpin & Soulé, 1986). Todos esses fatores causam a redução do tamanho populacional, o aumento da instabilidade demográfica e um mergulho cíclico para a extinção, chamado vórtex de extinção (Figura 6), que também pode ser definido como efeitos sinérgicos desestabilizantes do processo estocástico que agem sobre pequenas populações (Miller & Lacy, 2005; Frankham et al., 2008; Taberlet et al., 2008).

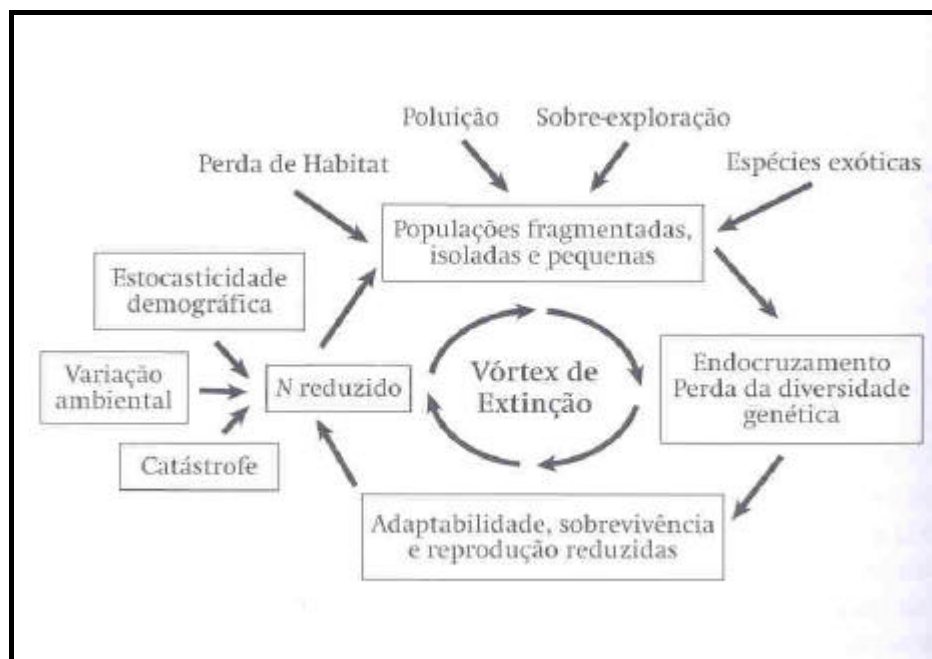


Figura 6. Esquema do Vórtex de extinção (Fonte: Frankham et al, 2008).

A causa primária do declínio de muitas espécies é determinável: as populações são sobre-exploradas, o habitat é alterado e perdido, o meio ambiente poluído ou numerosos predadores, competidores ou parasitas exóticos são introduzidos. A causa primária é facilmente compreendida e, com frequência, pode ser facilmente estudada, mas muitas vezes é difícil de ser revertida. Mesmo que a causa original do declínio seja removida, uma população pequena e isolada se torna vulnerável a forças adicionais, intrínsecas às dinâmicas de pequenas populações, podendo até chegar à extinção (Miller & Lacy, 2005).

Ainda de acordo com esses autores, pequenas populações (ou amostras) têm maior variância em torno da média do que as grandes, de tal forma que as pequenas vão sofrer maiores flutuações nos nascimentos, nas mortes, na razão sexual e variação genética. O problema fundamental que as pequenas populações enfrentam é causado pelas flutuações experimentadas por elas nos múltiplos estágios de amostragem de cada geração, tornando mais provável que a população decline a zero. Os processos estocásticos em geral têm pouco impacto em populações dinâmicas, desde que ela seja abundante e ocupe uma considerável área geográfica e diferentes habitats.

A extinção pode ser vista como um processo em que uma população antes comum e difundida na região se reduz a fragmentos pequenos e isolados devido a fatores extrínsecos. Quando essa população pequena remanescente é submetida a grandes flutuações, causadas por fatores intrínsecos, poderá, ocasionalmente, entrar em extinção. O resultado

cumulativo das extinções é o eventual desaparecimento de um táxon de parte ou de toda a sua região original (Frankham et al., 2008).

2.6. Análise da Variabilidade Genética pelo *Pedigree*

O estudo da estrutura das populações pode definir importantes circunstâncias que afetam seu histórico genético (Valera et al., 2005), e, em populações comerciais, pode monitorar o progresso genético (Euclides Filho et al., 2000). A estrutura da população é um fator importante em estudos de associação genética e pode levar a associações hipotéticas (Cardon & Palmer, 2003; Marchini et al., 2004; Clayton et al., 2005). Embora os métodos estejam disponíveis para diagnosticar e corrigir a estratificação da população a partir de dados de marcadores do genoma, é desejável que os pesquisadores estejam cientes da estratificação potencial antes de iniciar tais estudos (Caboli et al., 2008).

O estudo da estrutura da população pode ser feito a partir da análise do *pedigree* sem a necessidade de genotipagem de animais. Assim como a endogamia pode ser mensurada por meio da proporção de genótipos homocigotos ou pela análise do *pedigree*, a estrutura da população pode ser estudada utilizando essas duas metodologias (Caballero & Toro, 2000, 2002).

De acordo com Vozzi et al. (2006), os parâmetros baseados na probabilidade de origem do alelo, como os números efetivos de fundadores, de ancestrais e de genomas remanescentes, são úteis para descrever a estrutura genética populacional da raça após um pequeno número de gerações. O estudo da estrutura das populações por meio de informações de *pedigree* pode esclarecer importantes circunstâncias que afetam o histórico genético (Valera et al., 2005).

A diversidade genética pode ser definida como a variedade de alelos e genótipos presentes em uma população e isso reflete em diferenças morfológicas, fisiológicas e comportamentais entre os indivíduos e a população (Frankham et al., 2008). De um ponto de vista funcional, a diversidade genética pode ser classificada como neutra, deletéria ou adaptativa. Geralmente, as variantes neutras são usadas com o objetivo de conservação, mas variações deletérias e adaptativas são também importantes no contexto da sobrevivência e importância econômica de características dos animais e das plantas domésticas (Toro & Caballero, 2005).

O parâmetro mais usado para medir a diversidade dentro das populações é a heteroziguidade, definida como a probabilidade de que dois alelos escolhidos ao acaso de

uma população sejam diferentes. Baseado na informação do *pedigree*, o jeito mais usual de estimar a diversidade é calcular $1-F$ e $1-f$, onde F é endogamia e f é coancestralidade. F e f são a probabilidade de que dois alelos escolhidos ao acaso de um ou mais indivíduos sejam idênticos por descendência. Mas elas correspondem à heterozigotidade observada e esperada em um modelo no qual todos os alelos na população inicial sejam diferentes (Toro & Caballero, 2005).

Em programas de monitoramento da conservação, um parâmetro-chave é o acompanhamento da diversidade genética ou endogamia, estando o tamanho efetivo da população (N_e) inversamente relacionado à endogamia (Edmands, 2007). N_e é definido como o número de animais reproduzindo que levaria ao atual nível na endogamia caso eles contribuíssem igualmente para a próxima geração (Gutiérrez & Goyache, 2005).

O N_e é um parâmetro muito usado para monitorar as raças e os programas de reprodução, uma vez que tem relação com a depressão endogâmica e a perda da variabilidade genética. De acordo com Groeneveld et al. (2010), o N_e é a medida preferencial para determinar o risco de extinção de uma população. A determinação desse parâmetro permite inferir a taxa de endogamia e a perda da variabilidade genética dentro da população. Segundo Carneiro et al. (2007b), com o uso de populações com pequenos tamanhos efetivos em processos seletivos, os resultados podem ser muito influenciados pela oscilação genética, podendo ocasionar grandes variações nos ganhos genéticos como visto em Carneiro et al. (2009).

O N_e da população ideal varia entre autores (Carneiro et al., 2009). Goddard e Smith (1990) sugeriram um tamanho efetivo mínimo de 40 animais por geração para aumentar o retorno econômico, e Meuwissen & Woolliams (1994) recomendaram entre 31 e 250 animais para prevenir decréscimos no valor adaptativo da população. Frankham (1995) sugeriu um N_e da ordem de 500 animais para a manutenção do potencial evolutivo indefinidamente, mas frisou que o N_e de 50 animais seria suficiente para a prevenção de depressão endogâmica, mesmo nível recomendado pela FAO (1998) para populações de conservação.

A diversidade alélica é um critério alternativo para medir a diversidade genética e pode ser considerado o mais relevante em programas de conservação, uma vez que um grande número de alelos implica uma fonte de variações de locos para características importantes, como o Complexo Principal de Histocompatibilidade (MHC), responsável pelo reconhecimento de patógenos. A diversidade alélica também é importante, pois, a partir de uma perspectiva de longo prazo, o limite da resposta da seleção é determinado pelo número

inicial de alelos (Hill & Rabash, 1986). Esse parâmetro ainda é mais sensível a gargalos do que a heterozigidade esperada, refletindo melhor flutuações passadas do tamanho da população (Caballero & Toro, 2002).

A variação entre populações pode ser considerada mais importante, porque as características mais “valiosas” são aquelas provavelmente nas quais os alelos estão fixados ou em altas frequências dentro da população que apresenta essas características. A diversidade entre as populações pode também ser mais valiosa se o plano for usá-las como parte de um programa de cruzamento ou introgressão. Entretanto, para a futura criação de uma nova população pura, capaz de lidar com um ambiente desafiador ou com condições de produção diversificadas, a diversidade dentro da população deve ser a mais relevante (Notter, 1999). Vercesi Filho et al. (2002b), utilizando registros genealógicos de animais Indubrasil de todo o território nacional, observaram um processo de subdivisão na raça devido à baixa utilização de inseminação artificial aliada à baixa intensidade de seleção e postularam que as subpopulações estariam sendo formadas regionalmente.

Alguns parâmetros importantes na genética populacional incluem o cálculo do Coeficiente de endogamia (F) e o Coeficiente de Parentesco Médio (AR). F é definido como a probabilidade de um indivíduo ter dois alelos idênticos por descendência e o ΔF é o aumento da endogamia por geração. O parâmetro ΔF pode ser usado para calcular o N_e a cada geração para caracterizar o efeito da endogamia (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Os parâmetros baseados na origem do gene são menos sensíveis a um *pedigree* incompleto e podem ser mais informativos do que o N_e para efeitos de curto prazo na variabilidade genética da população. Após algumas gerações com o *pedigree* incompleto, o N_e pode ser superestimado, agravando com o aumento do número de gerações (FARIA et al., 2009).

O coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população, considerando que quanto menor a população, em gerações anteriores, maior o número de ancestrais comuns e maior o coeficiente de endogamia (Breda et al., 2004). Os níveis ideais de endogamia vão de um intervalo de 0,05 (Nicholas, 1989) a 0,01 (FAO, 1998) por geração.

Existem vários estudos em espécies domésticas e raças diferentes, como em bovinos (Faria et al., 2002; Vercesi Filho et al., 2002a; Pereira et al., 2005; Vozzi et al., 2006; Hammami et al., 2007; Vozzi et al., 2007; Martínez et al., 2008), em cavalos (Costa et al., 2005), em ovinos (Goyache et al., 2003), em suínos (Toro et al., 2000) e até mesmo em burros (Gutiérrez et al., 2005), com base em algum tipo de análise do *pedigree*.

O coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo é definido como a probabilidade de um alelo escolhido ao acaso na população pertencer a um determinado animal. O AR pode ser interpretado como a representação de um animal na população (Gutiérrez & Goyache, 2005). A média de coeficiente de parentesco fornece informações adicionais para explicar as relações entre parentes (Gutiérrez et al., 2003). O conhecimento de parentesco é necessário para otimizar as estratégias de conservação. A coancestralidade é expressa em relação à população base, em que todos os alelos não são definidos como sendo idênticos por descendência, de modo que a base de coancestralidade da população é zero, por definição (Falconer & Mackay, 1996).

O nível de integridade do *pedigree* pode ser avaliado pelos seguintes fatores:

- 1) O número de gerações completas é definido como a geração mais distante do animal na qual todos os ancestrais são conhecidos;
- 2) O número máximo de gerações é o número de gerações separando o indivíduo do ancestral mais distante. Os ancestrais sem registros dos genitores são considerados fundadores; e
- 3) O equivalente de gerações completas é calculado como a soma de $(1/2)^n$, em que n é o número de gerações separando o indivíduo de cada ancestral conhecido (Gutiérrez & Goyache, 2005).

Os seguintes parâmetros podem ser computados para estimar a concentração da origem dos animais e dos alelos, de acordo com Gutiérrez & Goyache (2005):

- 1) Número Efetivo de Fundadores (f_e): representa o número esperado de fundadores que igualmente contribuiriam para produzir a mesma diversidade genética da população em estudo. Esse parâmetro tem uma importante limitação, pois ignora potenciais gargalos no *pedigree*;
- 2) Número Efetivo de Ancestrais (f_a): representa o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) que explica a diversidade genética completa da população em estudo. Esse parâmetro complementa a informação do f_e , pois leva em conta contribuições desiguais de fundadores produzindo gargalos; e
- 3) Equivalente de Genoma Fundador (f_g): número de fundadores que seria esperado para produzir a mesma diversidade genética da população se os fundadores estivessem igualmente representados e não houvesse perda de alelos.

O Número de Fundadores (Nfun) avalia a contribuição do patrimônio genético dos fundadores entre as gerações, por meio da reprodução, levando-se em consideração a seleção e o tamanho de família. No entanto, ao se estimar o Número de Ancestrais (Nanc), é

considerado o decréscimo do número de reprodutores em determinado período, o que é uma das causas da perda de alelos nas populações. O Número de Genética (Ngen) avalia o número de alelos fundadores para determinado loco, que é mantido na população. A dimensão da deriva genética pode ser obtida por N_{gen}/N_{fun} . Quanto menor o valor dessa razão, maior esse processo (Falconer & Mackay, 1996).

O índice de conservação genética (ICG) para cada animal da população é baseado na ideia de que o objetivo de um programa de conservação é reter a maior variedade de alelos presentes na população inicial. Ainda nesse sentido, o indivíduo ideal deveria receber contribuições iguais de todos os fundadores. Quanto maior o ICG, maior é o valor do animal para a conservação (Gutiérrez & Goyache, 2005).

O ICG pode ser usado tanto por criadores individuais como uma ferramenta de seleção do reprodutor do rebanho ou dentro de uma política de cruzamento para formular um programa de melhoramento genético do grupo. Entretanto, esse índice tem limitações, como não considerar qualquer concentração de criação de animais não-fundadores em gerações subsequentes no *pedigree* e não ser aplicável aos casos sem registros de *pedigree* (Alderson, 2009).

O intervalo entre gerações, definido como a idade média dos pais no nascimento dos filhos, é calculado para os quatro caminhos: pai-filho; pai-filha; mãe-filho; e mãe-filha; para os filhos que produziram descendentes e os que não produziram (Gutiérrez & Goyache, 2005). Esse parâmetro tem alta variação entre espécies, raças e tipos de criação (Paiva et al., 2011).

A estatística F de Wright (1965) é usada para descrever a estrutura da população e mede a redução da heterozigosidade em qualquer nível da hierarquia populacional relativa ao nível mais inclusivo (Faria et al., 2009). Na genética de população, a “F-statistics”, também chamada de índice de fixação, descreve o nível de heterozigosidade de uma população. Mais especificamente, o grau da redução da heterozigosidade quando comparada com o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Essa correlação é influenciada por diversos processos, como migração, mutação e endogamia, mas foi originalmente descrita para medir a fixação alélica devido à deriva genética (Wright, 1965). F_{IS} é o coeficiente de endogamia de um indivíduo relativo à própria subpopulação e indica o quanto os cruzamentos não foram aleatórios. F_{ST} é a endogamia média da subpopulação relativa à população total, expressando o coeficiente de endogamia esperado sob cruzamentos aleatórios. F_{IT} é o coeficiente de endogamia do indivíduo em relação à população total sem subdivisão (Faria et al., 2009; Wright, 1965).

2.7. Análise de Viabilidade Populacional

Para inferir o quanto da diversidade genética presente estará na diversidade futura esperada, as probabilidades de extinção das raças têm de ser levadas em consideração. Simianer et al. (2003) mostraram como as probabilidades de extinção podem ser combinadas com uma medida de diversidade a fim de estimar a diversidade esperada futura e, conseqüentemente, a perda esperada. Além disso, essa estratégia permite a estimativa da diversidade marginal de uma raça, que é definida como a variação da diversidade no final de um horizonte de tempo definido, quando a probabilidade de extinção da raça teria de ser alterada por uma unidade (Simianer et al., 2003).

Assim, embora as medidas de diversidade adequadas estejam disponíveis para raças de gado, até agora pouco se sabe sobre a determinação de probabilidades de sua extinção. Reist-Marti et al. (2003) atribuíram valores relativos a dez diferentes variáveis específicas de raça e definiram a probabilidade de extinção de uma raça como a soma dos valores que a raça particular obteve.

A análise de viabilidade populacional (PVA) é um processo que abrange avaliação de dados e faz um modelo de uma população para antecipar a probabilidade dela persistir por um período arbitrariamente escolhido no futuro (Boyce, 1992). A PVA estima a vulnerabilidade à extinção e explora a gestão para assegurar a persistência (Lacy, 1993; Brook et al., 2000). Uma grande variedade de métodos de PVA foi desenvolvida para lidar com as situações diferentes (por exemplo, a disponibilidade de dados diferentes) que podem ser encontradas em espécies selvagens (Beissinger & Westphal, 1998).

Como modelo de uma metodologia para estimar a probabilidade de extinção de uma espécie, a PVA necessariamente deve começar com uma compreensão ou com um modelo do processo de extinção (Miller & Lacy, 2005). As vantagens de PVA são a sua avaliação do risco, que desvenda a incerteza em dados de informação (Reed et al., 2002). O objetivo final por trás da PVA é desenvolver previsões para a sobrevivência das espécies para o propósito de preservar a diversidade genética.

De acordo com Bennewitz & Meuwissen (2005), é necessário fazer a estimativa de probabilidades de extinção de um conjunto de horizontes de tempos futuros em vez de uma única possibilidade de tempo ou de cenários. É conhecido que um pequeno efetivo populacional pode reduzir a variabilidade genética por meio da deriva genética. Além disso, a variabilidade genética pode ser essencial para garantir a adaptação a doenças, competição ou predadores. Mas o que não se sabe é o quanto ou qual tipo de variação

genética é mais importante para a preservação. A solução para esse dilema pode, em último caso, abranger a previsão do tipo de ameaça que a espécie é provável de enfrentar. Caso a subpopulação possa ser ameaçada pela destruição do habitat, talvez seja extremamente importante manter as variações geográficas para garantir que a espécie possa continuar a sobreviver em outras localidades. Entretanto, caso as ameaças esperadas sejam doenças ou parasitas, talvez seja mais interessante manter a maior diversidade alélica possível (Miller & Lacy, 2005; Boyce, 1992; Ballou & Lacy, 1995).

Uma PVA é formalmente uma avaliação da probabilidade de extinção (Newbold & Siikamaki, 2009), mas os métodos geralmente focam em outros indicadores da saúde da população, como média e variância do crescimento populacional e mudanças na distribuição e ocupação do habitat; com isso, as perdas na variabilidade populacional podem ser analisadas e monitoradas (Miller & Lacy, 2005). O modelo mais apropriado para uma PVA depende da disponibilidade de dados e das características essenciais da ecologia do organismo (McCarthy et al., 2003).

Várias abordagens podem ser usadas para determinar o risco de pequenas populações entrarem em extinção, sendo a análise de viabilidade populacional a mais amplamente utilizada. PVAs são modelos feitos em computador que permitem simular as dinâmicas do processo de extinção, estimar os efeitos da interação dos fatores randômicos e avaliar a viabilidade de longo prazo da população em estudo (Ballou & Lacy, 1995). Esse método fornece previsões quantitativas para o crescimento populacional, flutuação demográfica e variação genética (Arsmtrong et al., 2006). PVAs também são utilizadas como uma ferramenta de manejo para examinar os impactos de diferentes opções para a recuperação de espécies ameaçadas e como uma ferramenta de pesquisa. Quando utilizadas para comparar opções de recuperação, elas podem informar os impactos do controle de caça ou da remoção de um predador, por exemplo (Piyasatian & Kinghorn, 2003).

2.7.1 Métodos para Análise da Viabilidade Populacional

As PVAs geralmente são realizadas por meio da entrada de dados, em um programa de computador, de informações sobre as taxas de nascimento e sobrevivência; o número de populações; a capacidade do habitat; a frequência e os efeitos das ameaças (ex: catástrofes, caça); e outros detalhes sobre a história de vida da espécie, como suscetibilidade à depressão endogâmica e taxas de fluxo gênico entre as populações (Frankham et al., 2008).

Realizam-se então projeções sobre as populações no tempo do futuro. As simulações são repetidas várias vezes, para um determinado conjunto de dados de entrada, e as projeções para a população em estudo irão variar entre essas simulações estocásticas. Os resultados geralmente são resumidos, considerando-se todas as simulações. As PVAs geralmente fornecem os tamanhos populacionais, a taxa de crescimento, a proporção das simulações onde ocorreu a extinção e algumas reportam a proporção da heterozigosidade retida (Frankham et al., 2008; Brook et al., 2000).

A principal limitação da PVA é que os dados existentes sobre a história de vida para a maioria das espécies ameaçadas são insuficientes. Uma análise completa da viabilidade pode, portanto, não ser possível ou elas podem ter baixa confiabilidade. Entretanto, as contribuições mais importantes das estimativas de risco utilizando PVA não vêm necessariamente da avaliação quantitativa dos riscos de extinção propriamente ditos, mas sim do conhecimento adquirido com ela (McCarthy et al., 2003).

O processo de conduzir uma PVA envolve, de acordo com Frankham et al. (2008):

- A compilação das informações sobre a história de vida da espécie;
- A identificação de todos os processos de ameaça agindo sobre ela;
- A identificação de potenciais estratégias de recuperação e a avaliação de seus impactos relativos; e
- A identificação das deficiências de conhecimento sobre as espécies, e a formulação de propostas de pesquisas para remediá-las.

Para algumas espécies altamente estudadas e ameaçadas, foram desenvolvidos alguns modelos de PVA espécie-específico, mas esses são geralmente caros e gastam muito tempo. Adicionalmente, eles não estão sujeitos ao uso repetido, portanto, podem conter falhas não detectáveis. Portanto, conservacionistas frequentemente usam os modelos “genéricos” de PVA que estão comercialmente disponíveis. Esses são bastante promissores para melhorar a PVA, pois são abertos para críticas, avaliações e desenvolvimento interativos (Brook et al., 2000).

As principais funções das PVAs são entender os processos que afetam as dinâmicas das populações, identificar falhas e avaliar potenciais resultados das diferentes opções de manejo e cenários de condições futuras (Gerber & González-Suárez, 2010).

Existem diferentes abordagens para estimar a persistência de uma população, que requerem diferentes tipos de dados e fazem previsões diferentes sobre a população em

estudo. Existem diferentes modelos de PVA disponíveis que estão se tornando populares, principalmente após a popularização dos computadores pessoais (Gerber & González-Suárez, 2010).

Os modelos de PVA disponíveis, cada um com diferentes capacidades, incluem os programas baseados no indivíduo GAPPS e VORTEX e os baseados em uma matriz INMAT, RAMAS Metapop e RAMAS Stage (Brook et al., 2000), além dos Nemesis e ALEX (Gerber & González-Suárez, 2010). Todos os programas são viáveis para a análise de risco populacional, apesar de cada um ter sido desenvolvido com objetivos levemente diferentes, que se refletem na sua estrutura, nas suas capacidades e deduções (McCarthy et al., 2003). Esses programas de simulação proveem uma ferramenta conveniente para construir modelos preditivos baseados nas características históricas da vida, nos fatores determinísticos e processos estocásticos que juntos controlam a dinâmica natural de pequenas populações (Brook et al., 2000).

Dois problemas potenciais, quando se utilizam esses programas, são: o programador pode não dominar o programa que está utilizando ou não utilizar o programa mais apropriado para a espécie em estudo e para o objetivo da conservação (Gerber & González-Suárez, 2010).

A PVA em animais silvestres tem sido criticada devido à grande quantidade de dados exigidos (Boyce, 1992; Beissinger & Westphal, 1998), que não estão disponíveis para muitas espécies. Trabalhando com cavalos, Thirstrup et al. (2009) mostraram que a PVA pode ser extremamente útil no gerenciamento de raças domésticas, exatamente por causa da quantidade de dados abrangentes disponíveis e também porque é possível monitorar os resultados das estratégias de gestão de perto. Esses autores sugerem que o uso da gestão adaptativa na análise da PVA e o acompanhamento dos resultados podem esclarecer a eficácia dos planos de recuperação (Beissinger & Westphal, 1998).

A conservação da biodiversidade depende cada vez mais do nosso conhecimento sobre a dinâmica de pequenas populações, especialmente para grandes animais (Morris & Doak, 2002). Vários trabalhos anteriores salientaram a importância de fatores estocásticos para essas populações (Morris & Doak, 2002; Lande et al., 2003). A estocasticidade é tipicamente incorporada aos modelos de populações, desenhando uma distribuição específica que utiliza os princípios da estocacidade para determinar os valores dos parâmetros para cada passo da simulação. Reed et al. (2002) concentraram-se no estudo das catástrofes, as quais têm a distribuição especificada e são altamente diferenciadas por terem alguns valores extremos.

Poucas pesquisas foram realizadas sobre as consequências da dinâmica das mudanças no fator limitante do crescimento populacional em modelos estocásticos, embora o papel de fatores estocásticos em mudar a dinâmica entre os fatores limitantes determinísticos tenha sido explorado (Coulson et al., 2004). Pequenas populações podem ser particularmente sensíveis às mudanças imprevisíveis em fator limitante (Coulson et al., 2001), com importantes consequências dinâmicas. Independentemente dos processos ecológicos ou comportamentais que levam aos episódios estocásticos de predação elevada, eles podem ter graves efeitos negativos sobre as populações pequenas e podem ser insustentáveis a longo prazo (Williams et al., 2004). Vários processos estão associados com o declínio e a extinção de pequenas populações, incluindo os efeitos induzidos pelo homem, pelo ambiente e pela genética, como deriva genética e endogamia (Coltman et al., 2003).

Uma vez sendo impossível prever com precisão quando a população será extinta, o uso da PVA como ferramenta de gestão tem recebido críticas (Coulson et al., 2001). Entretanto, a PVA pode ser útil para comparar o desempenho de estratégias de manejo contrastantes, em vez das consequências exatas de uma estratégia.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AJMONE-MARSAN, P.; THE GLOBALDIV CONSORTIUM. A global view of livestock biodiversity and conservation – GLOBALDIV. **Animal Genetics**, v. 41, p. 1-5, 2010.
- ALDERSON, L. Breeds at risk: Definition and measurement of the factors which determine endangerment. **Livestock Science**, v. 123, p. 23-27, 2009.
- AMARANTE, A.F.T.; CRAIG, T.M.; RAMSEY, W.S. et al. Nematode burdens and cellular responses in the abomasal mucosa and blood of Florida Native, Rambouillet and crossbreed lambs. **Veterinary Parasitology**, v. 80, p. 311-324, 1999.
- AMARANTE, A.F.T.; BRICARELLO, P.A.; ROCHA, R.A. et al. Resistance of Santa Ines, Suffolk and Ile de France lambs to naturally acquired gastrointestinal nematode infections. **Veterinary Parasitology**, v. 120, p. 91-106, 2004.
- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; GONZÁLEZ, S. Population viability analysis of the Uruguayan Creole cattle genetic reserve. **Animal Genetic Resources Information**, v. 38, p. 19-33, 2006.
- BALLOU, J. D.; LACY, R. C. Population Management for Survival e Recovery. In: BALLOU, J. D.; GILPIN, M.; FOOSE, T. J. (Eds.). **Analytical Methods and Strategies in Small Population Conservation**. New York: Columbia University Press, 1995. p. 76-111.
- BAKER, R.L.; MWAMACHI, D.M.; AUDHO, J.O. et al. Genetic resistance to gastrointestinal nematode parasites in Red Maasai, Dorper and Red Maasai × Dorper ewes in the sub-humid tropics. **Animal Science**, v. 69, p. 335-344, 1999.
- BEISSINGER, S.R.; WESTPHAL, M.I. On the use of demographic models of population viability in endangered species management. **Journal of Wildlife Management**, v. 62, n. 3, p. 821-841, 1998.
- BENNEWITZ, J.; MEUWISSEN, T.H.E. Estimation of Extinction Probabilities of Five German Cattle Breeds by Population Viability Analysis. **Journal of Dairy Science**, v. 88, n. 8, p. 2949-2961, 2005.
- BENNEWITZ, J.; EDING, H.; RUANE, J. et al. Selection of breeds for conservation. In: OLDENBROEK, K. **Utilization and conservation of farm animal genetic resources**. 1ed. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, 2007. p.131-146.
- BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A. Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. **Genetics**, v. 156, p. 361-373, 2000.
- BLASCO, A. Breeds in danger of extinction and biodiversity. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, p. 101-109, 2008.
- BOYCE, M. S. Population Viability Analysis. **Annual Reviews**, v. 23, p. 481-506, 1992.

- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, n. 6, p. 2017-2025, 2004. Suplemento 2.
- BROOK, B.W.; O'GRADY, J.J.; CHAPMAN, A.P. et al. Predictive accuracy of population viability analysis in conservation biology. **Nature**, v. 404, p. 385-387, 2000.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, v. 73, p. 657-679, 1994.
- CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M.A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. **Journal of Animal Science**, v. 62, p. 431-442, 1996.
- CABALLERO, A.; TORO, M.A. Interrelations between effective population size and other *pedigree* tools for the management of conserved populations. **Genetics Research**, Cambridge, v. 75, p. 331-343, 2000.
- CABALLERO, A.; TORO, M.A.. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. **Conservation Genetics**, v. 3, p. 289-292, 2002.
- CABOLI, F.C.F., SAMPSON J.; FRETWELL, N. et al. Population Structure and Inbreeding From *Pedigree* Analysis of Purebred Dogs. **Genetics**, v. 179, n. 1, p. 593-601, 2008.
- CARDON, L.R.; PALMER, L.J. Population stratification and spurious allelic association. **Lancet**, v. 361, n. 9357, p. 598-604, 2003.
- CARNEIRO, T.X.; GONÇALVES, E.C.; SCHNEIDER, M.P.C. Diversidade genética e eficiência de DNA microssatélites para o controle genealógico da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro Medicina Veterinária Zootecnia**, v. 59, p. 1257-1262, 2007a.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLIDES, R.F. et al. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p. 84-91, 2007b.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R. et al. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 2327-2334, 2009.
- CARVALHEIRO, R.; NEVES, H.H.R.; QUEIROZ, S.A. et al. Combinando acasalamento associativo positivo e restrição sobre a endogamia visando maior progresso genético. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 44., 2007, Jaboticabal. **Anais...** Jaboticabal: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2007. CD.
- CLAYTON, D.G., WALKER, N.M.; SMYTH, D.J. et al. Population structure, differential bias and genomic control in a large-scale, case-control association study. **Nature Genetics**, v. 37, p. 1243-1246, 2005.
- COSTA, M.D.; BERGMANN, J.A.G.; RESENDE, A.S.C. et al. Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga

Marchador. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, Belo Horizonte, v. 57, n. 1, p. 112-119, 2005.

COULSON, T.; HUDSON, M.G.M.; POSSINGHAM, H. The use and abuse of population viability analysis. **Trends in Ecology Evolution**, v. 16, p. 219-221, 2001.

COULSON, T.; GUINNESS, F.; PEMBERTON, J.; et al. The demographic consequences of releasing a population of red deer from culling. **Ecology**, v. 85, n. 2, p. 411-422, 2004.

COLTMAN, D.W.; O'DONOGHUE, P.; JORGENSEN, J.T.; et al. Undesirable consequences of trophy hunting. **Nature**, v. 426, n. 6967, p. 655-658, 2003.

CROW, J.F.; KIMURA, M. **An Introduction to Population Genetics Theory**. Nova York: Harper and Row, Publishers, 1970.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 32, n. 6, p. 1297-1303, 2003.

DIAMOND, J. Evolution, consequences and future of plant and animal domestication. **Nature**, v. 418, p. 700-707, 2002.

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.

EGITO, A.A.; MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M. Programa Brasileiro de Conservação de Recursos Genéticos Animais. **Archivos de Zootecnia**, v. 51, p. 39-52, 2002.

EGITO, A.A.; FUCK, B.; SPRITZE, A.L. Uso de marcadores RAPD en la formación o mantenimiento de núcleos de conservación de animales domésticos. **Archivos de Zootecnia**, v. 54, p. 277-281, 2005.

EGITO, A.A.; FUCK, B.; MCMANUS, C.M. Genetic variability of Pantaneiro horse using RAPD-PCR markers. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 36, p. 799-806, 2007.

ESTADÃO. **IBGE**: PIB agropecuário cresceu 5,3% e industrial, 4,9%. Disponível em: <<http://www.estadao.com.br/noticias/economia,ibge-pib-agropecuário-cresceu-53-e-industrial-49,138800,0.htm>>. Acesso em: 21/04/2011.

EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L.O.C.; ALVES, R.G.O. et al. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, p. 787-791, 2000.

FALCONER, D.S. Pequenas populações: mudanças da frequência gênica sob condições simplificadas. In: _____. **Introdução à Genética Quantitativa**. 1.ed. Viçosa, MG: UFV, 1987.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. Harlow: Longman, 1996. 464 p.

- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Disponível em: <<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/pt/lead/toolbox/Indust/primary.pdf>>. Acesso em: 01/07/2012.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO. **The State of World's Animal Genetic Resources for Food and agriculture**. Roma: FAO (Edited by Barbara Rischkowsky and Dafydd Pilling), 2007. 505p. Disponível em: <<http://www.fao.org/docrep/010/a1250e/a1250e00.htm>>.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, p. 501-509, 2002.
- FARIA, F.J.C.; FILHO, A.E.V.; MADALENA, F.E. et al. *Pedigree* analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 125, p. 148-153, 2009.
- FRANCK, R. Inbreeding steals profits. **Dairy Herd Management**, p. 46-50, 1997.
- FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v. 29, p. 305-327, 1995.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D.; BRISCOE, D.A. Genética e extinção. In: _____. **Fundamentos de Genética da Conservação**. 1ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2008. p.77-101.
- GANDINI, G.C.; OLLIVIER, L.; DANELL, B. et al. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. **Livestock Production Science**, v. 91, n. 1, p. 173-182, 2004.
- GARNERO, A. del V.; BERRUTI, A.; MARCONDES, C.R. et al. Inbreeding in nucleus herds of Nelore cattle in Brazil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 20, p. 159, 2008.
- GERBER, L.; GONZÁLEZ-SUÁREZ, M. Population Viability Analysis: Origins and Contributions. **Nature Education Knowledge**, v. 1, p. 11-15, 2010.
- GILPIN, M.E.; SOULÉ, M.E. Minimum viable populations: The processes of species extinctions. In: SOULÉ, M. (Ed.). **Conservation biology: The science of scarcity and diversity**. Sunderland Mass: Sinauer Associates, 1986. p.19-34.
- GODDARD, M.G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v. 73, p. 1113-1122, 1990.
- GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I. et al. Using *pedigree* information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p. 95-105, 2003.

- GROENEVELD, L.F.; LENSTRA, J.A.; EDING, H. et al. Genetic diversity in farm animals – a review. **Animal Genetics**, v. 41, p. 6-31, 2010.
- GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C. et al. *Pedigree* analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics, Selection and Evolution**, v. 35, 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, p. 172-176, 2005.
- GUTIÉRREZ, J.P.; MARMI, J.; GOYACHE, F. et al. *Pedigree* information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, n. 6, p. 378-386, 2005.
- HAMMAMI, H.; CROQUET, C.; STOLL, J. et al. Genetic diversity and joint-*pedigree* analysis of two importing Holstein populations. **Journal of Dairy Science**, v. 90, p. 3530-3541, 2007.
- HENSON, E.L. In situ conservation of livestock and poultry. **FAO Animal Production and Health Paper 99**, 2004. Disponível em: <<http://www.fao.org/DOCREP/004/T0559E/T0559E00.htm#TOC>>. Acesso em: 10/08/2012.
- HILL W.G. Maintenance of quantitative genetic variation in animal breeding programmes. **Livestock Production Science**, Amsterdam, v. 63, p. 99-109, 2000.
- HILL, W.G.; RASBASH, J. Models of long-term artificial selection in finite population with recurrent mutation. **Genetical Research**, v. 48, p. 125-131, 1986.
- HUDSON, G.F.S.; VAN VLECK, L.D. Effects of inbreeding on milk and fat production, stayability, and calving interval of registered Ayshire cattle in the northeastern United States. **Journal of Dairy Science**, v. 67, p. 171-179, 1984.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção da Pecuária Municipal**, Rio de Janeiro, v. 38, p. 1-65, 2010. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/economia/ppm/2010/ppm2010.pdf>>. Acesso em 21/04/2011.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Indicadores IBGE. Estatística da Produção Pecuária**. Setembro de 2012. Disponível em: http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/producaoagropecuaria/abate-leite-couro-ovos_201202_publ_completa.pdf. Acesso em: 29/05/2012.
- LACY, R.C. VORTEX: A computer simulation model for population viability analysis. **Wildlife Research**, v. 20, p. 45-65, 1993.
- LARSON, G.; DOBNLEY, K.; ALBARELLA, U. et al. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. **Science**, v. 307, p. 1618-1621, 2006.

- LEITCH, H.W.; SMITH, C.; BURNSIDE, E.B. et al. Genetic response and inbreeding with different selection methods and mating designs for nucleus breeding programs of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 6, p. 1702-1718, 1994.
- MARCHINI, J.; CARDON, L.R.; PHILLIPS, M.S. et al. The effects of human population structure on large genetic association studies. **Nature Genetics**, v. 36, n. 5, p. 512-517, 2004.
- MARIANTE, A.S.; CAVALCANTE, N. **Animais do Descobrimento. Raças Domésticas da História do Brasil**. Brasília: Embrapa Sede/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 232 p.
- MARIANTE, A.S.; EGITO, A.A. Animal genetic resources in Brazil: result of five centuries of natural selection. **Theriogenology**, v. 57, p. 223-235, 2002.
- MARIANTE, A.S.; MCMANUS, C. Conservação de bovinos de raças naturalizadas, visando a sua inserção em sistemas de produção. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 41., 2004, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande, MS: SBZ: Embrapa Gado de Corte, 2004. p. 335-342.
- MARTÍNEZ, R.A.; GARCÍA, D.; GALLEGO, J.L. et al. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by *pedigree* information. **Journal of Animal Science**, v. 86, p. 545-552, 2008.
- MATIKA, O.; NYONI, S.; VAN WYK, J.B. et al. Resistance of Sabi and Dorper ewes to gastrointestinal nematode infections in an African semi-arid environment. **Small Ruminant Research**, v. 47, p. 95-110, 2003.
- MCCARTHY, M.A.; ANDELMAN, S.J.; POSSINGHAM, H.P. Reliability of relative predictions in populations viability analysis. **Conservation Biology**, v. 17, p. 982-989, 2003.
- MCMANUS, C.M.; LOUVANDINI, H.; PAIVA, S.R. et al. Genetic factors of sheep affecting gastrointestinal parasite infections in the Distrito Federal, Brazil. **Veterinary Parasitology**, v. 166, p. 308-313, 2009a.
- MCMANUS, C.M.; PRESCOTT, E.; PALUDO, G. et al. Heat tolerance in naturalized Brazilian cattle breeds. **Livestock Science**, v. 120, n. 3, p. 156-264, 2009b.
- MCMANUS, C.M.; PALUDO, G.R.; LOUVANDINI, H. et al. Heat Tolerance in Brazilian Sheep: Physiological and Blood Parameters. **Tropical Animal Health and Production**, v. 9, p. 1, 2009c.
- MCMANUS, C.M.; PAIVA, S.R.; ARAÚJO, R. O. Genetics and breeding of sheep in Brazil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 236-246, 2010a
- MCMANUS, C.M.; PAIVA, S.R.; REZENDE, A.V. et al. Phenotypic Characterization of naturalized swine breeds in Brazil, Uruguai e Colômbia. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 53, p. 583-591, 2010b.

- MCMANUS, C.M.; LOUVANDINI, H.; PAIM, T.P. et al. The challenge of sheep farming in the tropics: aspects related to heat tolerance. **Revista Brasileira de Zootecnia/Brazilian Journal of Animal Science** **JCR**, v. 40, p. 107-120, 2011.
- MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 1019-1026, 1994.
- MILLER, P.S.; LACY, R.C. An overview of population viability analysis using VORTEX. In: _____. VORTEX User's Manual. A stochastic simulation of the extinction process. **Chicago Zoological Society**, p. 111-131, 2005.
- MIRANDA, R.M. Avaliação da influência de fatores genéticos e de meio sobre a produtividade de ovinos no cerrado (continuação do projeto inicial). Projeto submetido ao CNPq, 1990.
- MORRIS, W.F.; DOAK, D.F. What Is PVA, and How Can It Be Used in Conservation Decision-making? In: _____. **Quantitative Conservation Biology: Theory and Practice of Population Viability Analysis**. Massachusetts: Sinauer Associates, 2002.
- MUIR, W.M. The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: Results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **Journal of Animal Science**, v. 79, p. 1-11, 2000.
- NEWBOLD, S.C.; SIIKAMAKI, J. Prioritizing conservation activities using reserve site selection methods and population viability analysis. **Ecological Applications**, v. 19, p. 1774-1790, 2009.
- NICHOLAS, F.W. Incorporation of new reproductive technology in genetic improvement programs. In: HILL, W.G.; MACKAY, T.F.C. (Eds.). **Evolution and Animal Breeding**. Wallingford: C.A.B International, 1989. p. 201-209.
- NOTTER, D.R. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. **Journal of Animal Science**, v. 77, p. 61-69, 1999.
- OKLAHOMA STATE UNIVERSITY. **Breeds of Livestock**. Disponível em: <<http://www.ansi.okstate.edu/breeds/>>. Acesso em: 17/10/2012.
- OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 28, n. 4, p.721-728, 1999.
- PAIVA, S.R.; SILVÉRIO, V.C.; EGITO, A.A. et al. Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds. **Revista Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 9, p. 887-893, 2005.
- PAIVA, S.R.; FACÓ, O.; FARIA, D.A. et al. Molecular and *pedigree* analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. **Tropical Animal Health and Production**, v. 10, p. 1631-1643, 2011.
- PAIVA, S.R.; MCMANUS, C.M. Utilização de marcadores moleculares na caracterização genética de ovinos. In: SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO

ANIMAL – SBMA IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 20-22 de junho de 2012, João Pessoa, PB, Brasil. Disponível em: <http://sbmaonline.org.br/anais/ix/palestras/pdf/Palestra11.pdf>. Acessado em: 27 de abril de 2012.

- PEREIRA, M.C.; MERCADANTE, M.E.Z.; ALBUQUERQUE, L.G. et al. Estimativa de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 34, p. 2245-2252, 2005.
- PIYASATIAN, N.; KINGHORN, B.P. Balancing genetic diversity, genetic merit and population viability in conservation programmes. **Journal of Animal Breeding and genetics**, v. 120, p. 137-149, 2003.
- OLDENBROEK, K. Introduction. In: _____. **Utilisation and conservation of farm animal genetic resources**. 1ed. Holanda: Wageningen Academic Publishers, 2007. p.13-28.
- QUEIROZ, S.A.; ALBUQUERQUE, L.G.; LANZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p. 1014-1019, 2000.
- REED, J.M.; MILLS, L.S.; DUNNING, J.R. et al. Emerging issues in population viability analysis. **Conservation Biology**, v. 16, n. 1, p. 7-19, 2002.
- REIST-MARTI, S.B.; SIMIANER, H.; GIBSON, J. et al. Weitzman's approach and conservation of breed diversity: an application to African breeds. **Conservation Biology**, v. 17, p. 1299-311, 2003.
- RUANE, J. A framework for prioritizing domestic animal breeds for conservation purposes at the national level: a Norwegian case study. **Conservation Biology**, v. 14, n. 5, p. 1385-1393, 2000.
- SANCHEZ, L.; TORO, M.A.; GARCIA, C. Improving the efficiency of artificial selection: more selection pressure with less inbreeding. **Genetics**, v. 151, p. 1103-1114, 1999.
- SCHENKEL, F.S.; LAGIOIA, D.R.; RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4., 2002, Campo Grande, MS. **Anais...** Campo Grande: SBMA, 2002, CD.
- SEO, S.N.; MENDELSON, R. Measuring impacts and adaptations to climate change: a structural Ricardian model of African livestock management. **Agricultural Economics**, v. 38, n. 2, p. 151-165, 2008.
- SERRANO, G.M.; EGITO, A.A.; MCMANUS, C.M. et al. Genetic diversity and population structure of Brazilian native bovine breeds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, p. 543-549, 2004.
- SETSHWAELO, L.L. Live animal conservation projects in Africa. **FAO Animal Production and Health Paper 80**, p. 135-142, 1989.

- SIMIANER, H. Decision making in livestock conservation. **Ecological Economics**, v. 53, p. 559-572, 2005.
- SIMIANER, H.; MARTI, S.B.; GIBSON, J. et al. An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds. **Ecological Economics**, v. 45, p. 377-393, 2003.
- SMITH, L.A.; CASSELL, B.G.; PEARSON, R.E. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 81, n. 10, p. 2729-2737, 1998.
- SPRITZE, A.; EGITO, A.A.; MARIANTE, A.S. et al. Caracterização genética da raça bovina Crioulo Lageano por marcadores moleculares RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, p. 1157-1164, 2003.
- SWALVE, H.H.; ROSNER, F.E.; WEMHEUER, W. Inbreeding in the German Holstein cow population. In: ANNUAL MEETING, 54., 2003, Rome. **Proceedings...** Rome: EAAP, 2003. 17p.
- TABERLET, P., VALENTINI, H.R.; NADERI, S. et al. Are Cattle, sheep and goats endangered species? **Molecular Ecology**, v. 17, p. 275-284, 2008.
- THIRSTRUP, J.P.; BACH, L.A.; LOESCHCKE, V. et al. Population Viability analysis on domestic horse breeds (*Equus caballus*). **Journal of Animal Science**, v. 87, p. 3525-3535, 2009.
- TORO, M.A.; CABALLERO, A. Characterization and conservation of genetics diversity in subdivided populations. **Philosophical Transactions of the Royal Society B**, v. 360. p. 1367-1378, 2005.
- TORO, M.A.; RODRIGÁÑEZ, J.; SILIO, L. et al. Genealogical analysis of a closed herd of Black Hairless Iberian pigs. **Conservation Biology**, v. 14, p. 1843-1851, 2000.
- TORO, M.A.; PEREZ-ENCISO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. **Genetic, Selection and Evolution**, v. 22, p. 93-107, 1990.
- VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J.P. et al. *Pedigree* analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, v. 95, p. 57-66, 2005.
- VASCONCELOS, J.; MARTINS, A.; FERREIRA, A. et al. Níveis de endogamia e depressão de endogamia no gado bovino leiteiro em Portugal. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinária**, Lisboa, v. 100, n. 553-554, p. 33-38, 2005.
- VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 54, p. 609-617, 2002a.
- VERCESI FILHO, A.E.; FARIA, F.J.C.; MADALENA, F.E. et al. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Archivos Latinoamericanos de Producción Animal**, v. 10, p. 86-92, 2002b.

- VERRIER, E.; TIXIER-BOICHARD, M.; BERNIGAND, R. et al Conservation and value of local livestock breeds: usefulness of niche products and/or adaptation to specific environments. **Animal Genetic Resources Informations**, v. 36, p. 21-31, 2005.
- VIEIRA, G.V.N. **Criação de ovinos**. São Paulo: Ed. Melhoramentos, 1967. 371p.
- VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; MAGNABOSCO, C. de U. et al. Structure and genetic variability in Nellore (*Bos indicus*) cattle by *pedigree* analysis. **Genetics and Molecular Biology**, v. 29, p. 482-485, 2006.
- VOZZI, P.A.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.A.F. et al. *Pedigree* analyses in the Breeding Program for Nellore Cattle. **Genetics and Molecular Research**, v. 6, n. 4, p. 1044-1050, 2007.
- WANG, J. Effect of excluding sib matings on inbreeding coefficient and effective size of diploid populations. **Biometrics**, v. 53, p. 1354-1365, 1997.
- WILLIAMS, E.S.; DINSDALE, H.; EAYRES, D. et al. Impact of nursing home deaths on life expectancy calculations in small areas. **Journal of Epidemiology and Community Health**, v. 58, n. 11, p. 958-962, 2004.
- WEIGEL, K.A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v. 84, p. 177-184, 2001.
- WOLLNY, C.B.A. The need to conserve farm animal genetic resources in Africa: should policy makers be concerned? **Ecological Economics**, v. 45, p. 341-351, 2003.
- WOLFE, D.W.; ZISKA, L.; PETZOLDT, C. et al. Projected change in climate thresholds in the Northeastern U.S.: implications for crops, pests, livestock, and farmers. **Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change**, v. 13, n. 5, p. 555-575, 2008.
- WRIGHT, S. The Interpretation of Population Structure by F-Statistics with Special Regard to Systems. **Evolution**, v. 19, p. 395-420, 1965.
- YAHDJIAN, L.; SALA, O.E. Climate Change Impacts on South American Rangelands. **Rangelands**, v. 30, n. 3, p. 34-39, 2008.

CAPÍTULO 2

Análise de Viabilidade Populacional e genealógica de um Núcleo de Conservação de Ovinos Bergamácia Brasileira

1. Resumo

Foram realizadas a análise genealógica e de viabilidade populacional dos registros de 1559 animais do núcleo de conservação de ovinos Bergamácia Brasileira da fazenda da Universidade de Brasília, utilizando os programas ENDOG e VORTEX. Para a análise com o ENDOG foram utilizados os registros de *pedigree* e para o VORTEX foram usadas as informações obtidas por meio de um questionário respondido pelo curador do rebanho. Dos animais registrados, 767 tinham pais conhecidos, com os genitores significativamente mais conhecidos a cada geração. O número de registros no *pedigree* tem aumentado ao longo das gerações, com maior número de pais conhecidos. O Coeficiente de endogamia médio, computado pelo ENDOG, foi de 0,29% e o coeficiente médio de parentesco foi de 1,52%. O intervalo médio de gerações foi de 3,71 anos, com valores menores para os machos do que para fêmeas. A probabilidade de extinção da população, calculada pelo VORTEX foi de 17% e o tempo médio para a extinção foi de 59 anos. Quarenta e dois cenários adicionais foram criados para determinar quais fatores mais ameaçam a população. Esses foram: a frequência das catástrofes, a falta de entrada de animais e a mortalidade de adultos e cordeiros, principalmente mortalidade de fêmeas adultas. Estes resultados indicam que os planos de conservação e reprodução devem incluir a aquisição de animais para manter os níveis de endogamia baixos e aumentar a variabilidade genética, e melhorar o manejo para controlar as taxas de mortalidade de animais.

Genealogical analysis and population viability analysis of a conservation nucleus of Brazilian Bergamasca sheep

2. Abstract

A genealogical and a viability analysis were carried out using the 1559 registers available from the Conservation Nucleus of Brazilian Bergamasca sheep of the University of Brasilia farm in Brazil. It was used the ENDOG and the VORTEX program. To run the ENDOG it was used the registered data and for the VORTEX it was used the information obtained from a questionnaire answered by the curator of the herd. Of the animals registered, 767 had known parents, with significantly more dams known at each generation. The number of the registers on the *pedigree* has increased over the generations, with higher known parents. The Computed Mean Inbreeding calculated by ENDOG was 0.29% and Mean Average Relatedness was 1.52%. Mean Generation interval was 3.71 years with values being lower for sires than dams. The probability of extinction of the population, calculated by VORTEX was 17% and the average time to extinction was 59 years. Forty two additional scenarios were created to determine which factors most threaten this population. They were: frequency of catastrophes, lack of animal entrance and adult and lamb mortalities, especially adult female mortality. These results indicate that future breeding plans should include exchange of sires between farms to maintain low inbreeding levels and increase genetic variability and upgrade the management to control the mortality rates of animals.

3. Introdução

Os ovinos estão presentes no Brasil há quase 500 anos, mas seu efetivo não aumentou na mesma proporção que outros animais de fazenda. Isso tem sido em grande parte devido à estrutura do rebanho (pequenos agricultores), à percepção da ovinocultura como secundária e a falta de interesse na pesquisa sobre esses animais. Levando-se em conta a rápida erosão genética (Hall & Ruane, 1993; Scherf, 2000) e a importância dos recursos genéticos animais para o futuro (Notter, 1999), pode não ser possível esperar por informações específicas e detalhadas sobre as raças e ecótipos disponíveis.

A Bergamácia Brasileira é uma raça ovina originária da Itália, da região da Lombardia e difundida principalmente no norte desse país (Dalvit et al., 2009). Na Itália, esses animais são especializados na produção de carne e são amplamente utilizados em cruzamentos com outras raças. Acredita-se ter sido introduzida no Brasil na década de 1930 com a imigração italiana (Miranda & McManus, 2000, Paiva et al., 2005). Embora tenha sido difundida, foi substituída por outras raças, especialmente por ovinos deslanados. No Brasil a Bergamácia é considerada uma raça de tripla aptidão, carne, leite e lã (Miranda & McManus, 2000), e atualmente está ameaçada de extinção no País. O haplótipo ARK também foi descrito nessa raça (Luhken et al., 2007) o que significa que ela pode ser útil para o estudo do Scrapie em ovelhas.

Atualmente, grande parte dos animais naturalizados encontra-se em populações pequenas e dispersas. Pequenas populações são instáveis, uma vez que são mais expostas a fatores estocásticos que podem levar à extinção, como a estocasticidade demográfica, a variação ambiental, a deriva genética e a depressão endogâmica (Armstrong et al., 2006).

A variabilidade genética é fundamental para a genética da conservação, uma vez que é a base do potencial evolutivo das espécies para responder às alterações ambientais. As populações mais ameaçadas são subdivididas em grupos em diferentes fragmentos de habitat, reservas naturais ou em rebanhos, no caso de animais domésticos (Toro & Caballero, 2005). A variabilidade genética de uma característica de interesse é a base para o futuro do programa de reprodução e é exibida por diferenças entre indivíduos, famílias e populações de uma determinada espécie (Groeneveld et al., 2010).

Esse estudo tem como objetivo analisar a genealogia integrada com ferramentas de simulação do risco de extinção e marcadores moleculares, de um núcleo de conservação da raça ovina Bergamácia Brasileira para determinar a eficácia dos esforços atuais de conservação.

4. Materiais e Métodos

O rebanho de ovelhas Bergamácia Brasileira da fazenda da Universidade de Brasília (UnB) faz parte do Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos Animais e é o único rebanho dessa raça a participar desse programa. Foi utilizado o registro de nascimentos e morte de 1.559 animais, o que incluiu todos os ovinos da raça Bergamácia Brasileira da UnB nascidos entre 1990 e 2010. Nesse registro, os animais eram 48% do sexo masculino e 52% do sexo feminino. Os dados para a análise de viabilidade populacional foram retirados de um questionário elaborado para essa finalidade e respondido pelo curador do rebanho. A informação para a análise do *pedigree* foi obtida no livro de registro dos animais.

Duas análises foram realizadas: uma da estrutura genética do rebanho durante o período de 20 anos para determinar os parâmetros da população (análise do *pedigree*) e outra para determinar os acontecimentos futuros, por meio de simulações para avaliar o futuro do rebanho (Análise de Viabilidade Populacional).

4.1 Análise Genealógica

Os parâmetros genéticos populacionais foram calculados usando o programa ENDOG, versão 4.8. Maiores informações sobre o programa podem ser encontradas em Gutiérrez e Goyache (2005). O ENDOG é um programa de simulação que realiza a análise genética da população a partir de informações do *pedigree*.

Alguns parâmetros genéticos e populacionais foram calculados para a população de referência que é aquela na qual os animais têm ambos os pais conhecidos. Esses parâmetros incluíram: o nível de integridade do *pedigree*, calculado como a proporção de ancestrais conhecidos por geração parental; o coeficiente de endogamia (F), definido como a probabilidade de que dois alelos em um loco escolhido ao acaso sejam idênticos por descendência; o coeficiente de parentesco médio (AR), definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente na população pertencer a um determinado animal; a probabilidade de origem do gene foi determinada como: número efetivo de fundadores (fe), calculado de acordo com a Lacy (1989); número efetivo de ancestrais (fa); o equivalente de genoma fundador (fg) foi calculado a partir do inverso de duas vezes a média da coancestralidade dos indivíduos dentro da população; o tamanho efetivo da população (Ne) foi calculado segundo Gutiérrez et al. (2003).

4.2 Análise de Viabilidade Populacional

As simulações de interações entre fatores demográficos, ambientais e genéticos foram realizadas com o programa VORTEX, versão 9.99. Foi elaborado um questionário para ser respondido pelos curadores dos rebanhos vinculados ao Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos Animais, com as informações necessárias para a entrada no programa. De acordo com Miller e Lacy (2005), o programa VORTEX começa criando indivíduos para formar uma população base e depois simula as etapas dos eventos do ciclo de vida em uma base anual. Eventos estocásticos como sucesso reprodutivo, número de filhos, razão sexual e taxa de mortalidade são determinados por uma função de probabilidade pré-determinada com valores definidos pelo operador (Tabela 1). Conseqüentemente, cada iteração do modelo apresenta um resultado diferente e executando o mesmo modelo centenas de vezes, uma gama de possibilidades com diferentes resultados podem ser examinados. O cenário descrito na Tabela 1 foi chamado de cenário base e está de acordo com as respostas dadas pelo curador do rebanho e as informações obtidas no pedigree. Em todos os outros cenários foi alterado somente um parâmetro para testar o efeito na população (Tabelas 5 e 6).

A perda da variabilidade genética é simulada como a transmissão de alelos de pais para filhos em um loco hipotético neutro. Para cada animal no início da simulação são atribuídos dois alelos originais, nesse loco. Em seguida, para cada indivíduo criado durante a simulação, é atribuído, aleatoriamente, um dos alelos de cada um dos pais.

O programa controla quantos alelos permanecem na população original, dando o número médio de alelos restantes dentro da população existente, a heterozigosidade média e a variabilidade genética em relação ao nível inicial. Quarenta e seis ovinos da raça Bergamácia foram genotipados utilizando 19 marcadores microssatélites. Esses dados foram usados como informação de entrada no programa da frequência de alelos da população inicial, e os marcadores foram obtidos no Laboratório de Genética Animal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, Brasil (Tabela 2). Os índices de diversidade de microssatélites foram calculados utilizando o pacote Molkin (Gutiérrez et al., 2005b).

Tabela 1. Parâmetros demográficos usados para simular a população da raça Bergamácia Brasileira utilizando o VORTEX.

Dados de entrada	Resposta dada pelo curador
Número de iterações	1000
Período da simulação (em anos)	100
Sistema de reprodução	Polígamo
Idade ao primeiro parto (F/M)	2/2
A população é afetada pela depressão endogâmica?	sim
Número máximo de partos por ano	2
Número máximo de filhotes por parto	3
Razão sexual ao nascimento	50%
Idade máxima de reprodução	8
Fêmeas disponíveis para a reprodução (%)	80
Probabilidade de parto simples	74
Probabilidade de parto duplo	23
Probabilidade de parto triplo	3
Mortalidade de fêmeas entre 0 e 1 ano (%)	30
Mortalidade de fêmeas entre 1 e 2 anos (%)	5
Mortalidade de fêmeas acima de 2 anos (%)	5
Mortalidade de machos entre 0 e 1 ano (%)	30
Mortalidade de machos entre 1 e 2 anos (%)	5
Mortalidade de machos acima de 2 anos (%)	5
Catástrofe 1: ataque de animais	
Frequência de ocorrência (%)	6
Efeito na reprodução (%)	80
Efeito na sobrevivência (%)	90
Catástrofe 2: erro na alimentação	
Frequência de ocorrência (%)	12
Efeito na reprodução (%)	60
Efeito na sobrevivência (%)	50
Machos disponíveis para a reprodução (%)	5
População inicial do núcleo de conservação	25

Dados de entrada	Resposta dada pelo curador
Capacidade de suporte do ambiente (K)	400
São retirados animais da população?	Sim
Quantos?	100 machos por ano
Primeiro ano de retirada	5
Último ano de retirada	100
Intervalo entre as retiradas de animais	1
Entram animais na população?	Sim
Quantos?	1 macho a cada 2 anos
Primeiro ano de entrada	2
Intervalo entre as entradas de animais	2

Tabela 2. Informações dos locos da raça Bergamácia Brasileira

Loco	Número de alelos/locus	Frequência Alélica											
Inra23A	10	0.05	0.05	0.12	0.05	0.05	0.01	0.1	0.19	0.12	0.26		
Oar304A	6	0.06	0.15	0.01	0.48	0.06	0.24						
MAF214A	5	0.04	0.43	0.39	0.06	0.08							
INRA63A	7	0.18	0.23	0.04	0.13	0.37	0.03	0.02					
OARHH35A	9	0.02	0.19	0.02	0.12	0.19	0.02	0.37	0.04	0.03			
INRA35A	9	0.12	0.27	0.1	0.07	0.15	0.14	0.13	0.01	0.01			
OMHC1A	5	0.14	0.71	0.003	0.14	0.007							
ILSTS87A	9	0.04	0.04	0.04	0.34	0.15	0.07	0.24	0.08	0.26			
ILSTS05A	5	0.14	0.27	0.38	0.06	0.15							
ILSTS11A	5	0.47	0.2	0.02	0.18	0.13							
MAF65A	7	0.22	0.34	0.09	0.11	0.02	0.21	0.01					
BM827A	7	0.03	0.11	0.36	0.34	0.04	0.11	0.01					
OARFCB20A	11	0.17	0.49	0.02	0.04	0.04	0.04	0.02	0.07	0.02	0.08	0.01	
OARCP20A	7	0.28	0.17	0.22	0.01	0.17	0.02	0.13					
OAR129A	3	0.02	0.76	0.22									
INRA172A	7	0.03	0.03	0.38	0.15	0.02	0.2	0.19					
HUJ616A	3	0.32	0.67	0.01									
SRCRSP05A	4	0.04	0.35	0.48	0.13								
BM6526A	5	0.03	0.19	0.01	0.02	0.75							

Para determinar quais os fatores mais ameaçam a população, novos cenários foram testados para verificar o comportamento dos parâmetros. Quarenta e dois cenários adicionais foram criados, como descrito nas Tabelas 5 e 6, a partir do cenário base (Tabela 1), alterando somente um parâmetro e mantendo as outras variáveis conforme a resposta do curador.

5. Resultados e Discussão

Dados do *pedigree* de 1.559 animais foram analisados utilizando o programa ENDOG e o rebanho foi classificado como comercial, de acordo com Gutiérrez et al. (2005a), uma vez que alguns cuidados foram tomados ao longo dos anos para comprar carneiros de forma a evitar a endogamia, sempre que possível. As informações do *pedigree* aumentaram ao longo das gerações analisadas, com mais informações disponíveis sobre as fêmeas do que reprodutores, com quase 100% de mães conhecidas na última geração (Figura 1). A população de referência foi classificada como aquela em que os animais têm ambos os genitores conhecidos. Essa população foi menor do que a usada para analisar os fundadores. O tamanho efetivo dos fundadores foi de 229 com 791 animais na população de referência e 215 ancestrais que contribuíram para a população de referência. O número efetivo de fundadores/ancestrais da população de referência foi 42/34 com 12 animais explicando 50% dos ancestrais.

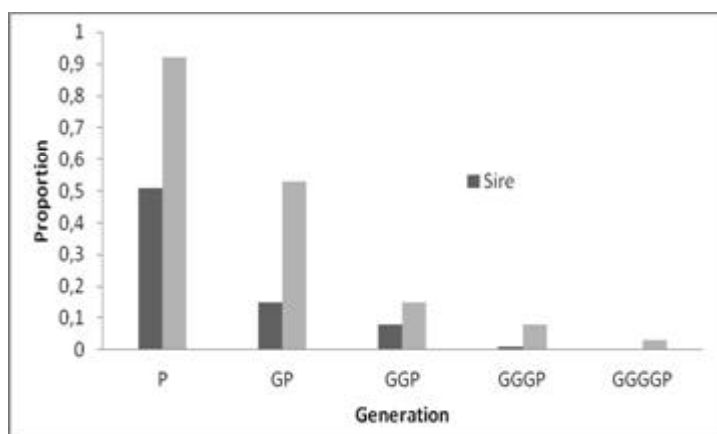


Figura 1. Proporção entre pais e mães conhecidos por geração em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira. P- pais, GP – avós GGP – tataravós

O rebanho da UnB é parte do Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos Animais e é o único rebanho brasileiro de Bergamácia nesse programa. Das cinco raças de ovinos naturalizadas analisadas por Paiva et al. (2005), a Bergamácia mostrou ter a menor variabilidade genética e a menor porcentagem de locos polimórficos. A falta de informação dos pais no *pedigree* é devido a vários grupos de carneiros para o acasalamento, erros de registro e troca frequente de ajudantes da fazenda. No entanto, esses números (Figura 1) são significativamente maiores do que os encontrados por Goyache et al. (2010) e Álvarez (2007) para a raça Mallorquina, e por Alfonso et al. (2006) estudando ovinos Latxa Black-

Faced da Espanha. Esses últimos autores notaram que a falha nos registros da genealogia causa um aumento no valor calculado do intervalo entre gerações. Erros em *pedigree* são conhecidos e geralmente ocorrem por não identificação dos pais ou por registros incorretos. Trabalhando com bovinos, Baumung e Sokner (2003), perceberam que o erro de identificação nos *pedigrees* variava entre 3 e 20%.

O número efetivo de ancestrais para a população de referência do núcleo de conservação de ovelhas da raça Gallega da Espanha foi de 13 animais com cinco explicando 50% dos ancestrais (Adán et al., 2007). O Núcleo de Conservação da Bergamácia Brasileira tem, portanto, uma maior base genética e um baixo número efetivo de ancestrais para a população de referência. O baixo número de ancestrais que explicam metade da variação genética indica o uso de um pequeno número de reprodutores. Isso é devido à dificuldade em se encontrar carneiros dessa raça e, quando encontrados, as distâncias e os custos necessários para o transporte desses animais também dificultam (geralmente > 1000km), bem como dificuldades de financiamento para um rebanho de ovelhas de uma Universidade Federal.

O coeficiente de endogamia (F) médio foi de 0,29% e o Coeficiente de Parentesco médio (AR) foi de 1,52%. Esses números são comparáveis aos encontrados nas raças espanholas Gallega (Adán et al., 2007) e Mallorquina (Goyache et al., 2010) e bem abaixo do nível considerado perigoso (10%). Moureaux et al. (1996) relataram que, quando a endogamia calculada a partir da análise genealógica de cavalos é considerada, as raças podem ser classificadas em dois grupos: um de raças internacionais, mostrando valores de F que variam de 0,81% a 2,89%, e o outro com populações de raças locais com valores variando entre 2,25% a 14,7%. Embora a população de conservação da Bergamácia seja pequena, o cálculo da endogamia é menor do que o encontrado nas raças internacionais. Isso pode ser devido a dois fatores: a escolha cuidadosa de reprodutores para o rebanho ou falta de informações de *pedigree* (Sabbioni et al, 2007). O baixo Coeficiente de Parentesco médio (Tabela 3) significa que um animal compartilha uma pequena porcentagem de alelos com o resto da população, portanto, esses animais poderiam servir como reprodutores da raça para outras fazendas ou regiões do país.

Os parâmetros relacionados à origem do gene são ferramentas úteis na determinação da variabilidade genética dentro das raças após um pequeno número de gerações, comparados com o coeficiente de endogamia e com o tamanho efetivo da população, os quais são úteis para monitorar a variabilidade genética por um período de tempo mais longo (Parland et al., 2007).

Conforme o número de gerações aumentou, houve pouca mudança no F e no AR (Tabela 1). Isto foi devido a um controle cuidadoso da reprodução no núcleo, na medida do possível. Embora muito baixo (<0,4%), houve um aumento ao longo das gerações do F, que deve ser monitorado. Estes valores, por geração, encontram-se resumidos na Tabela 3.

Tabela 3. Resumo do Coeficiente de Endogamia, do Coeficiente de Parentesco Médio e do Tamanho Efetivo da População por geração em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira

	F	%	AR	Ne
Número máximo de gerações				
1	-		0.01	
2	0.00	0.01	0.01	336.00
3	0.00	0.02	0.02	1,369.00
4	0.00	0.07	0.02	760.60
5	0.01	0.08	0.02	152.30
6	0.01	0.13	0.02	
7	0.01	0.20	0.02	57.70
8	-		0.02	
Gerações completas				
0	0		0.01	
1	0.00	0.08	0.02	115.80
2	0.03	0.40	0.04	19.70

F: Coeficiente de endogamia, AR: Coeficiente de Parentesco Médio, Ne: Tamanho efetivo da população (Ne)

Populações de tamanho reduzido estão expostas à flutuações aleatórias, isto é, deriva genética, o que tende a reduzir a variabilidade genética. A endogamia é o parâmetro mais usado para monitorar a deriva genética, pois suas propriedades são conhecidas e diretamente relacionadas aos parâmetros de interesse, como a probabilidade de fixação e perda de alelos. A endogamia afeta muitas características de interesse econômico e a variância genética aditiva, isto é, a resposta à seleção (Gandini et al., 2004).

A precisão do cálculo do F depende muito da qualidade do *pedigree*. Em condições reais, a população fundadora não é conhecida e, com frequência, lacunas e registros incorretos ocorrem no *pedigree*. Essas falhas influenciam os valores das medidas como endogamia e tamanho efetivo da população (Baumung & Solkner, 2003).

Na prática, os fundadores são os animais presentes no rebanho no momento do início do registro do *pedigree* e, conseqüentemente, populações com muitas gerações registradas tendem a ter o *F* mais alto do que populações com registro de *pedigree* mais recente, isto é, com menos gerações. Portanto, uma população com altos níveis de endogamia pode refletir somente a profundidade ou a qualidade do registro do *pedigree*, tornando essa medida inadequada para comparação entre populações diferentes (Toro et al., 2011).

Com um *pedigree* de apenas duas gerações, é possível identificar os animais com maior coeficiente de endogamia, assumindo que os pais e avós sejam conhecidos. Mais de cinco gerações de um *pedigree* correto acarreta somente um aumento marginal na correlação entre o coeficiente de endogamia e a autozigosidade. A ocorrência de erro de registro dos pais em mais de 20% dos registros aparenta ser um problema mais severo para a identificação dos animais endogâmicos do que *pedigrees* incompletos ou pouco profundos (Baumung & Solkner, 2003).

O *Ne* da população de Bergamácia Brasileira por ano (Figura 2) manteve-se relativamente estável ao longo do tempo, variando em cerca de 30 animais. A forte queda em 1998 foi devido a um ataque de cães que mataram todos os cordeiros e um grande número de ovelhas adultas.

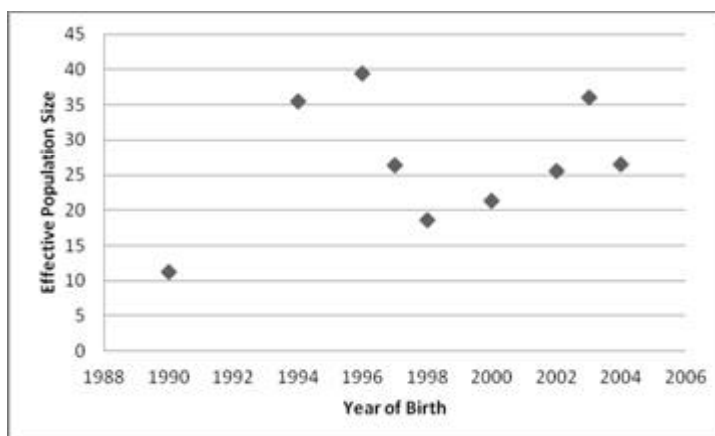


Figura 2. Tamanho efetivo da população por ano de nascimento em um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira

O tamanho do rebanho não aumentou e os reprodutores estão cada vez com preços mais elevados e difíceis de encontrar no mercado nacional, essa redução do efetivo populacional pode trazer problemas para o núcleo de conservação nos próximos anos. O tamanho efetivo populacional é um parâmetro importante para monitorar as raças e programas de melhoramento, uma vez que está relacionado com a depressão endogâmica e a perda de

variabilidade genética. De acordo com Gandini et al. (2004), N_e é a medida de escolha para mensurar o risco e é aproximado baseado no número de machos e fêmeas que se reproduzem nas populações. O N_e permite a mensuração da taxa de endogamia, logo a perda da variabilidade genética dentro da população pode ser inferida (Groeneveld et al., 2010).

No presente estudo, a população manteve o N_e relativamente estável e pôde se recuperar da forte queda de 1998, mas, provavelmente, com a dificuldade de introdução de novos animais, o N_e poderá não permanecer estável por muito tempo. De acordo com Toro et al. (2011), para minimizar os efeitos da depressão endogâmica, o F deve permanecer menor do que 10% por aproximadamente 20 gerações e com um N_e de pelo menos 100 animais (Toro et al., 2011).

O N_e é um indicador da taxa de perda da variabilidade genética por um determinado período de tempo. A estimativa do N_e é útil para predizer futuras mudanças na variabilidade genética enquanto a probabilidade de origem do gene é útil para identificar mudanças na variabilidade genética após uma recente mudança no programa de reprodução (Parland et al., 2007).

No rebanho analisado, os intervalos entre gerações (Tabela 4) variaram de 4,08 (pai e filho) a 2,98 anos (Pai e filha). A idade média dos pais quando os filhos nasceram, foi maior para os machos do que para as fêmeas.

O Intervalo entre geração foi semelhante ao encontrado para um núcleo de conservação das raças Gallega (Adán et al., 2007) e Mallorquina (Goyache et al., 2010), na Espanha. Esse parâmetro está no limite inferior do encontrado por Huby et al. (2003) em seis raças francesas de ovinos de carne, mas superior aos encontrados por Goyache et al. (2003) para a raça Xalda das Astúrias, que também está ameaçada de extinção. Intervalos de geração elevados devem-se ao uso prolongado de animais, machos e fêmeas, para a reprodução. Isso pode ser consequência da elevada mortalidade de cordeiros (cerca de 30% por ano), causada principalmente pelos invernos secos (8% de umidade relativa do ar e temperatura atingindo 5°C durante a noite e 30°C durante o dia) e infecções causadas por *Haemonhcus contortus* resistentes a anti-helmínticos.

Alderson (1990) usou o Índice de Conservação Genética (ICG) para calcular um número efetivo de fundadores no *pedigree* de um animal. Quanto maior o valor ICG maior será o valor do animal para a conservação. A média de ICG foi de 1,36, variando entre 0,77 e 5,07. Esse parâmetro tem aumentado ao longo dos anos, com um incremento de cerca de 0,05 por ano (Figura 3).

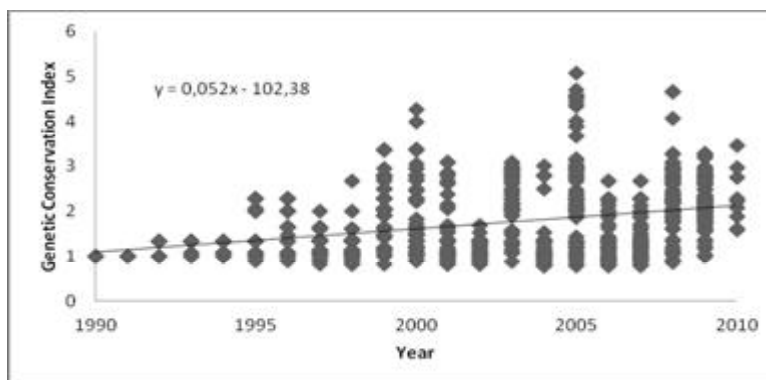


Figura 3. Índice de Conservação Genética (ICG) por ano de nascimento em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira

Tabela 4. Intervalo entre geração (L) em um núcleo de conservação da raça Bergamácia Brasileira

Diferentes caminhos	L	SE
Pai - Filho	4.08	0.66
Pai - Filha	2.98	0.10
Mãe – Filho	3.49	0.29
Mãe – Filha	4.02	0.12
Média	3.71	0.09
Idade media dos pais ao nascimento dos filhos		
Pai- Filho	3.03	0.08
Pai - Filha	2.83	0.07
Mãe – Filho	4.21	0.08
Mãe – Filha	4.18	0.08
Média	3.74	0.05

L: Intervalo entre Geração e SE: erro padrão.

A população tem dois níveis de estrutura, uma a partir do indivíduo (I) para a subpopulação (S) e outra da subpopulação para o total (T). A estatística F quantifica a endogamia como efeitos dentro de subpopulações F_{IS} , entre F_{ST} subpopulações, e dentro da população, F_{IT} . O F_{ST} pode variar de 0 (nenhuma diferenciação genética) para 1 (subpopulações fixada para diferentes alelos). Usando os reprodutores para analisar a diferenciação, o F_{IS} foi -0,080; $F_{ST} = 0,069$ e $F_{IT} = -0,005$, estando todos os índices próximos de zero. No presente estudo, quando os reprodutores foram considerados subpopulações há

baixa diferenciação genética (7,7% da variação genética total). A Coancestraliade (f) foi de 0,50 e a distância de Nei entre machos foi de 0,069, mostrando que, de acordo com a análise do *pedigree*, não há problemas imediatos na manutenção da variabilidade genética dentro do rebanho.

O objetivo geral da conservação genética é a manutenção da variabilidade dentro e entre as raças. A diversidade dentro das raças é importante para evitar a endogamia, adaptação a mudanças ambientais e de condições de produção. A variabilidade entre as raças é importante como fonte de alelos caso a raça esteja enfrentando problemas devido a deriva genética, mudanças climáticas ou sistemas de produção (Toro et al., 2011).

Dados demográficos são fundamentais para conhecer e assegurar o status de risco de uma raça, uma etapa chave no planejamento estratégico do manejo do recurso genético animal. O status de risco depende de uma série de fatores, como tamanho e estrutura da população (Groeneveld et al., 2010).

A probabilidade estimada de extinção obtida nas simulações com o VORTEX foi de 17% e, portanto, a possibilidade de sucesso de 83%. Nos cenários em que a população foi extinta, o tempo médio para a extinção foi de 59 anos (Tabela 5). Considerando apenas o crescimento determinístico da população (Det.r), ou seja, sem considerar a ocorrência de depressão por endogamia, o acasalamento sem restrições e sem entrada e saída de animais, a população iria crescer até atingir a capacidade de suporte do ambiente (K) e o Det.r manteve-se estável durante todo o período de simulação.

A diferença nos valores esperados entre Stoch.r e Det.r pode ser percebida, enquanto o primeiro teve alta variação, o segundo manteve-se estável durante todo o período da simulação (Figura 4). Essa observação apóia a ideia de que a população é altamente suscetível a efeitos ambientais, como variações na alimentação, nos níveis de precipitação, e efeitos genéticos como a endogamia e a deriva genética.

O Det.r será igual a média de crescimento da população se o rebanho for grande o suficiente para evitar ser afetado por fatores aleatórios ou estocásticos. O Det.r poderá prever corretamente o crescimento da população, se as taxas de natalidade e de mortalidade forem constantes ao longo do tempo e dentro dos valores esperados; se não houver depressão endogâmica; nenhuma restrição ao acasalamento aleatório, e se não houver limitação a capacidade de suporte do ambiente. No entanto, geralmente uma ou mais dessas premissas não são respeitadas, conduzindo assim a um aumento da população um pouco mais lento do que o esperado pela taxa de crescimento determinística (Ballou et al., 2005).

O $Stoch.r$ é calculado para cada ano da simulação. Normalmente, esse parâmetro é inferior ao $Det.r$ e eles só terão valores próximos se o crescimento da população for constante e robusto. O $Stoch.r$ será sensivelmente menor do que o $Det.r$ se a população estiver sob grandes flutuações devido à variação ambiental, catástrofes e instabilidade demográfica ou genética inerente às populações pequenas (Frankham & Ballou, 2008). Como se vê na Figura 4, há uma diferença entre a $Det.r$ e $Stoch.r$, com uma ampla variação do segundo, apoiando a ideia de suscetibilidade aos efeitos genéticos e do ambiente.

Ao considerar a influência da variação do meio ambiente no número de indivíduos, a população não atingiu a capacidade de suporte do ambiente (K) = 400 (Figura 5). Os valores da variabilidade genética foram relativamente elevados, sempre acima de 0,8 (Tabela 5). Os resultados globais não se alteraram de forma significativa quando o programa padrão foi utilizado (para cada animal no início da simulação é atribuído dois alelos originais e não utilizando dados genéticos reais da população (Tabela 5), tal como a variabilidade genética que foi muito semelhante em ambos cenários. No entanto, ao calcular a variabilidade genética diretamente a partir dos marcadores microssatélites, sem utilizar o VORTEX, os seguintes valores de variabilidade foram obtidos: (1) heterozigosidade observada de 0,6880 (sd. 0,0160), (2) a heterozigosidade esperada de 0,6864 (sd. 0,0335), (3) O número médio de alelos (6,53 sd. 2,29) e índice de fixação (F_{is}) de -0,002 ($p > 0,05$).

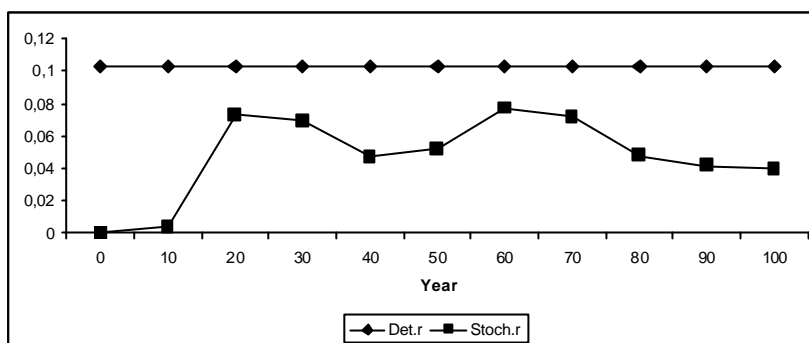


Figura 4. Diferença entre as taxas de crescimento determinística (Det.r) e estocástica (Stoch.r) em um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira

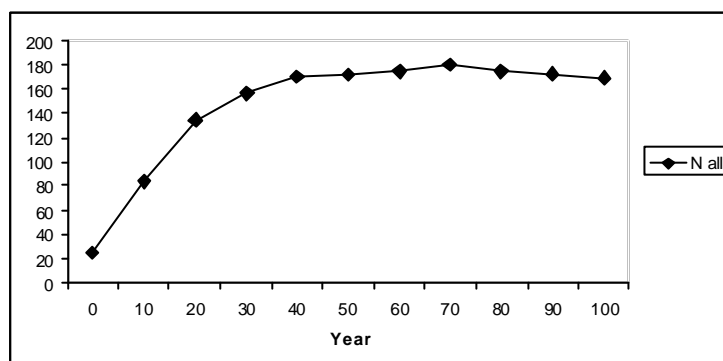


Figura 5. Número médio total de animais obtido ao final da simulação com o VORTEX, considerando somente a taxa de crescimento estocástico de um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira

Tabela 5. Resumo dos resultados obtidos nas simulações com o VORTEX para um rebanho de Bergamácia Brasileira, considerando o cenário base e os alternativos.

Cenário	r	L fêmeas	L Machos	PE	Tempo médio até a extinção (anos)	He	Ho	Alelos
Base	0.103	4.34	4.34	17	59	0.8601	0.9238	18.71
Sem depressão endogâmica	0.103	4.34	4.34	11	75	0.8256	0.8754	17.38
Resultado do ENDOG para a população inicial	0.103	4.34	4.34	38	31	0.8565	0.9178	18.78
20% das fêmeas na reprodução	-0.192	4.91	4.91	100	15	0	0	0
100% dos machos na reprodução	0.103	4.34	4.34	15	65	0.9206	0.9573	27.98
Sem dados genéticos da população	0.103	4.34	4.34	17	59	0.8574	0.9195	18.64
Simulação para 500 anos	0.103	4.34	4.34	99	71	0.4859	0.4968	2.00
Simulação para 1000 anos	0.103	4.34	4.34	100	55	0	0	0

Cenários Extremos

Cenário	r	L fêmeas	L Machos	PE	Tempo médio até a extinção (anos)	He	Ho	Alelos
70% de mortalidade de borregos	-0.086	4.70	4.70	99	23	0.9139	1.00	17.67
30% de mortalidade fêmeas adultas	-0.127	3.69	4.78	100	17	0	0	0
Maior severidade das catástrofes	0.069	4.30	4.30	49	42	0.8961	0.9596	24.46
Maior frequência das catástrofes	-0.003	4.21	4.21	90	33	0.8969	0.9801	18.68
População inicial menor	0.103	4.34	4.34	55	38	0.8875	0.9382	27.17
70% de mortalidade de borregos fêmeas	-0.086	4.70	4.70	100	19	0	0	0
70% de mortalidade de borregos machos	0.103	4.34	4.34	11	22	0.8994	0.9597	29.22

r: taxa de crescimento determinístico; L: Intervalo entre gerações; PE: Probabilidade de extinção; He: Heterozigosidade esperada; Ho: Heterozigosidade observada; Alelos: Número médio estimado final de alelos.

Tabela 6. Resumo dos resultados dos cenários alternativos obtidos nas simulações com o VORTEX para um rebanho de Bergamácia Brasileira.

Cenário	r	L fêmeas	L Machos	PE	Tempo médio até a extinção (anos)	He	Ho	Alelos
10 machos entrando	0.103	4.34	4.34	10	30	0.953	0.9811	82.54
10 fêmeas entrando	0.103	4.34	4.34	0	0	0.8936	0.923	85.51
15% de frequência catástrofe 1	0.089	4.33	4.33	26	47	0.8597	0.9277	18.26
20% de frequência catástrofe 1	0.082	4.32	4.32	32	41	0.8591	0.9293	18.08
25% de frequência catástrofe 1	0.074	4.32	4.32	35	39	0.8627	0.9356	18.11
25% de frequência catástrofe 1	0.018	4.23	4.23	86	22	0.8554	0.9607	13.20
30% de frequência catástrofe 2	-0.017	4.18	4.18	97	18	0.8407	0.9682	10.34
35% de frequência catástrofe 2	-0.052	4.14	4.14	100	15	-	-	-
15% mortalidade de fêmeas adultas	0.076	4.38	4.38	27	45	0.8659	0.9362	18.64
20% mortalidade de fêmeas adultas	0.062	4.41	4.41	37	43	0.8697	0.9454	18.37
30% mortalidade de fêmeas adultas	0.031	4.47	4.47	64	34	0.8771	0.9605	17.48
40% mortalidade de fêmeas adultas	-0.003	4.54	4.53	82	30	0.8794	0.9739	15.70
50% mortalidade de fêmeas adultas	-0.043	4.61	4.61	97	26	0.8781	0.9845	13.67
60% mortalidade de fêmeas adultas	-0.089	4.70	4.70	100	23	-	-	-

Tabela 6. Continuação

Cenário	r	L fêmeas	L Machos	PE	Tempo médio até a extinção	He	Ho	Alelos
20% mortalidade de machos adultos	0.103	4.34	4.34	20	37	0.8536	0.9164	18.51
40% mortalidade de machos adultos	0.103	4.34	4.34	17	53	0.8564	0.9197	18.63
50% mortalidade de machos adultos	0.103	4.34	4.34	17	59	0.8573	0.9226	18.54
60% mortalidade de machos adultos	0.103	4.34	4.34	18	57	0.8574	0.9227	18.74
40% mortalidade de borregos fêmeas	0.066	4.40	4.40	36	44	0.866	0.9393	18.66
50% mortalidade de borregos fêmeas	0.024	4.48	4.48	64	35	0.8748	0.9622	16.43
60% mortalidade de borregos fêmeas	-0.025	4.58	4.58	92	25	0.8747	0.9832	13.21
70% mortalidade de borregos fêmeas	-0.09	4.70	4.70	99	21	0.8889	0.999	12.00
80% mortalidade de borregos fêmeas	-0.17	4.86	4.86	100	15	-	-	-
40% mortalidade de borregos	0.103	4.34	4.34	19	47	0.8611	0.9282	18.78
50% mortalidade de borregos	0.103	4.34	4.34	16	53	0.8609	0.9293	19.09
60% mortalidade de borregos	0.103	4.34	4.34	15	45	0.8651	0.9376	19.55
70% mortalidade de borregos	0.103	4.34	4.34	19	35	0.8680	0.9416	19.72
80% mortalidade de borregos	0.103	4.34	4.34	18	35	0.8717	0.9510	20.09

r: taxa de crescimento determinístico; L: Intervalo entre gerações; PE: Probabilidade de extinção; He: Heterozigosidade esperada; Ho: Heterozigosidade observada; Alelos: Número médio estimado final de alelos.

A média da heterozigosidade observada calculada pelo VORTEX é o coeficiente de endogamia médio da população (Miller & Lacy, 2005), neste estudo, um valor elevado de endogamia 0,9238 (Tabela 5). Mil iterações foram necessárias para garantir a estabilização dos resultados (Harris et al., 1987). Esta população parece ser influenciada por efeitos genéticos inerentes a pequenas populações. Isso também pode ser observado por meio do número de alelos, que diminuiu para menos de metade do valor inicial durante o período simulado (Figura 6), indicando uma grande perda da diversidade alélica, que pode pôr em perigo a persistência de longo prazo população. De acordo com Brito (2009), a perda de alelos resultante da instabilidade demográfica de pequenas populações ocorre mais cedo do que o declínio da variabilidade genética medida pela H_e .

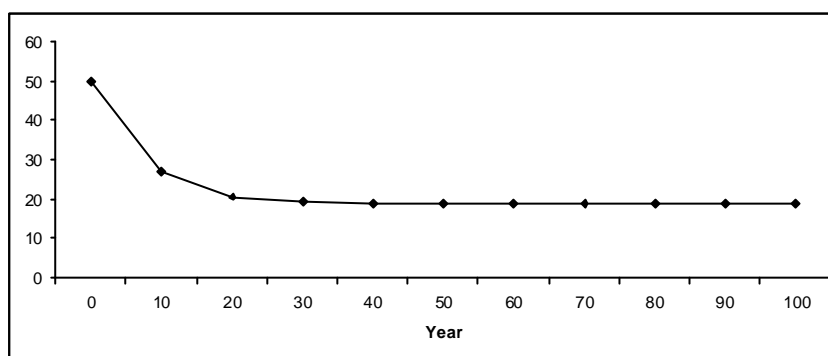


Figura 6. Número médio total de alelos obtidos ao final da simulação em um núcleo de conservação da raça Bergamácia brasileira.

A heterozigosidade esperada obtida ao final da simulação deste estudo foi 0,8601 que é uma medida útil de “decaimento genético”, de acordo com Miller e Lacy (2005), para comparação entre os cenários e populações. A partir deste resultado, verificou-se que o valor calculado de heterozigosidade pelo VORTEX, usando os dados de frequência de alelos reais ou não, deve ser analisado considerando apenas a diminuição do valor de 100%. Não sugerimos usar o valor final de H_e para confirmar se a população está ameaçada ou não.

A instabilidade presente na população é, provavelmente, devido à depressão endogâmica e baixa variabilidade alélica (Figura 6), uma vez que o ambiente de criação é controlado e não apresenta grandes desafios para os animais, a não ser pela mortalidade dos cordeiros que pode ser considerada elevada (cerca de 30 %). A instabilidade genética é causada, possivelmente, pelo pequeno número de animais que entram na população e a utilização de alguns poucos reprodutores. Os responsáveis pelas populações, especialmente rebanhos de conservação, devem se preocupar com os efeitos da deriva genética, que pode ser

diminuído pela introdução de imigrantes ocasionais para evitar a endogamia e seu efeito deletério na população (Lacy, 1987).

Os resultados das simulações (Tabelas 5 e 6) demonstram que retirar da análise a ocorrência de depressão endogâmica (Tabela 5), apenas reduziu a probabilidade de extinção, mas os outros parâmetros permaneceram inalterados. Isso era esperado, uma vez que o programa modela a depressão endogâmica como uma redução na sobrevivência durante o primeiro ano de vida, e a mortalidade dos cordeiros nesta população é alta (30%).

De acordo com Frankham (1995), a endogamia é capaz de afetar características como a sobrevivência e a fecundidade e deve ser modelada de maneira mais realista pelos softwares de PVA (Brook et al., 1997). De acordo com esses autores, o cálculo do coeficiente de endogamia nos programas de simulação tende a subestimar o impacto da depressão endogâmica.

Quando se compara o número efetivo de fundadores e ancestrais para a população de referência encontrada pelo ENDOG (42/34) com o tamanho da população inicial (25) que o curador do rebanho informou, percebe-se que o valor encontrado pela análise do *pedigree* foi superior à população real inicial. Esse “erro” de cálculo do ENDOG pode ser devido a um erro no registro dos animais ou a diminuição do tamanho do rebanho devido à pressão para reduzir o número de animais para aumentar o rebanho comercial.

De modo a incluir um valor da população inicial, obtido na análise com o ENDOG na simulação com o VORTEX, optou-se pelos 12 animais que explicam 50% dos ancestrais para verificar também o impacto de uma população inicial menor. Isso aumentou a probabilidade de extinção, mas não afetou os outros parâmetros (Tabela 5).

O menor percentual de fêmeas reprodutoras a cada ano teve um forte impacto sobre a população com uma probabilidade de extinção de 100%. Por outro lado, o aumento da porcentagem de machos disponíveis para a reprodução apenas aumentou a variabilidade genética da população e não afetou outros parâmetros (Tabela 5).

A população pareceu ser viável para o período de simulação de 100 anos, mas o aumento do tempo de simulação para 500 e 1000 anos, elevou a probabilidade de extinção para 99% e 100%, respectivamente (Tabela 5). Fieberg e Ellner (2000) encontraram que as probabilidades de extinção parecem ser uma medida incerta, sensível a vários parâmetros e à qualidade dos dados. Segundo esses autores, a tentativa de incorporar mais informações aos modelos como efeitos genéticos, interações com outras espécies, vão, inevitavelmente, introduzir ainda mais incerteza.

O aumento da mortalidade dos cordeiros teve um forte impacto sobre a população, com uma taxa de crescimento negativo, aumento do Intervalo entre geração e da probabilidade de extinção (Tabela 5). Quando a taxa de crescimento (r) é <1 e considerada constante, a população será inevitavelmente extinta, e o tempo estimado até a extinção irá reduzir rapidamente à medida que o r declina (Gandini et al., 2004).

Ao analisar separadamente a mortalidade de cordeiros entre machos e fêmeas, percebe-se que o maior impacto é devido à mortalidade de cordeiras, provavelmente devido ao papel das fêmeas na reprodução e às características do rebanho de ter mais fêmeas do que machos. Trabalhando com o VORTEX, Brook et al. (1997) verificaram que pequenas mudanças na mortalidade, potencialmente devido à depressão endogâmica, a doenças crônicas ou a predadores, teve um profundo efeito sobre a projeção futura da população. Esses mesmos autores observaram que a mortalidade dos animais mais jovens foi mais importante na determinação da probabilidade de extinção do que a mortalidade dos adultos. Qualquer aumento da mortalidade também reduz muito o tamanho da população final. No entanto, nesse estudo, a mortalidade de fêmeas adultas teve um impacto maior sobre a população do que a mortalidade de fêmeas jovens (Tabela 5).

Os cenários extremos, como maior mortalidade de cordeiros e de cordeiras (Tabela 5), afetaram a taxa de crescimento da população, o intervalo entre gerações e a probabilidade de extinção, mas não afetaram a variabilidade genética, provavelmente porque a população foi extinta, nessas simulações, antes de perder a variabilidade genética.

A partir das conclusões dos cenários extremos, buscou-se determinar até que ponto a população ainda seria viável, alterando alguns parâmetros para determinar os pontos críticos no manejo desses animais para a sugestão de medidas a serem adotadas para a conservação desse rebanho (Tabela 6). Nos primeiros dois casos, 10 machos e 10 fêmeas adultas foram adicionados à população a cada dois anos, durante 100 anos. A entrada desses animais aumentou a variabilidade genética, influenciou significativamente o número final de alelos, reduziu a probabilidade de extinção, mas não afetou a taxa de crescimento e o intervalo de geração. O aumento no número final de alelos era esperado, uma vez que o VORTEX considera que todos os imigrantes não são relacionados com a população atual do rebanho e têm alelos diferentes. Outra implicação disso é que, assumindo que todos os animais acrescentados não são aparentados, a endogamia não pode ser realisticamente calculada.

Trabalhando com o VORTEX, Lindenmayer et al. (2000) observaram que, na ausência de animais imigrantes, a população rapidamente entra em colapso. Um imigrante por geração é um limite inferior adequado à quantidade de fluxo gênico que é desejável, mas, por

vezes, mais de um imigrante por geração poderá ser necessário para atingir os objetivos desejados (Mills & Allendorf, 1996). A imigração diminuiu os impactos da subdivisão da população e a variabilidade genética declina mais lentamente em populações que mantêm um fluxo gênico com outras, do que em populações totalmente isoladas (Brito, 2009).

De acordo com os mesmos autores, um imigrante por geração é suficiente para evitar a perda de alelos em subpopulações causadas pela deriva genética e permite que as populações possam responder às pressões seletivas locais. No entanto, desvios existentes da estrutura da população ideal, tendem a comprometer a eficiente imigração em relação às expectativas, os quais incluem: a estrutura social e o sucesso reprodutivo dos imigrantes. Isso pode significar que mais de um imigrante por geração pode ser necessário. A aquisição de novos animais para esse rebanho de Bergamácia Brasileira é difícil, pois há falta de rebanhos puros comerciais para compra ou troca; é muito grande as distâncias entre as fazendas; há uma baixa prioridade para pesquisa em conservação e, por último, a burocracia envolvida no comércio de animais entre um rebanho comercial e outro pertencente a uma Universidade pública no Brasil é enorme. Portanto, seria muito difícil aumentar a entrada de animais para além do que já ocorreu no período analisado.

A catástrofe 1, ataque animal, sendo menos grave (Tabela 6), mesmo com frequências mais elevadas não afetou significativamente a população, uma vez que a variabilidade genética foi mantida elevada, não afetou a taxa de crescimento e nem o intervalo de geração. A catástrofe 2, erro de alimentação, sendo mais intensa, afetou rapidamente a população. Até 25% de frequência não demonstrou ter muito efeito, mas a partir de 30% de frequência a população demonstrou uma tendência de queda e em 35% a probabilidade de extinção foi de 100%.

A mortalidade de adultos do sexo feminino (Tabelas 5 e 6) tem um efeito maior do que a mortalidade de machos. A mortalidade de 30% de fêmeas adultas afeta a população, mas nessa taxa a população ainda é viável. Nos machos adultos, uma taxa de mortalidade de 40% não altera a maioria dos parâmetros populacionais, enquanto que esta mesma taxa de mortalidade de fêmeas adultas, ocasiona uma tendência de queda da taxa de crescimento da população. Com um aumento na taxa para de mortalidade para 60% nas fêmeas adultas a probabilidade de extinção é de 100%.

A população pareceu ser mais "resistente" à mortalidade de cordeiros do que a mortalidade de fêmeas adultas (Tabela 6). Até 50% de mortalidade de cordeiras, a população foi afetada, mas ainda era viável, enquanto que com 60% de mortalidade a taxa de crescimento da população foi negativa e apenas com 80% de mortalidade de cordeiras foi que

a probabilidade de extinção chegou aos 100%. Por outro lado, a mortalidade dos cordeiros machos não afetou tanto, uma vez que até 80% de mortalidade a população era ainda viável. De acordo com Duca et al. (2009), a fecundidade e a sobrevivência de adultos tiveram os maiores impactos na persistência da população.

A probabilidade de extinção não deve ser considerada isoladamente e não deve ser o único critério considerado na determinação de estratégias de conservação. Ela pode ser usada para indicar a tendência de extinção ou persistência da população e alertar se as medidas de conservação devem ser urgentes ou não. Os prognósticos das probabilidades de extinção podem ser feitos a curto prazo, 10% a 20%, além do período durante o qual a população foi monitorada (Fieberg & Ellner, 2000). Esses autores afirmam que, com as quantidades típicas de dados disponíveis, raramente a estimativa da probabilidade de extinção será significativa a longo prazo, mas pode, por vezes, ser possível estimar a probabilidade de extinção a curto prazo. Considerando a quantidade de dados disponíveis no presente estudo, não seria adequado nem seguro tentar determinar a probabilidade de extinção por um período mais longo do que 100 anos.

De acordo com a Tabela 5, é melhor ter poucas catástrofes graves do que ter várias leves. Keith et al. (2008), trabalhando com plantas, observaram que as populações foram mais viáveis com as simulações de catástrofes menos frequentes, nesse caso, incêndio. A frequência e a gravidade das catástrofes tiveram efeitos importantes sobre tanto a probabilidade de extinção e o tamanho final da população existente. Quando a frequência e a severidade de uma catástrofe são aumentadas ao mesmo tempo, o risco de extinção eleva dramaticamente (Brook et al., 1997).

Ambas as catástrofes analisadas neste estudo, são facilmente evitadas, por meio de um melhor controle alimentar, elaboração de um estoque de alimentos para o período de seca, o treinamento dos tratadores e proteção do rebanho dos ataques de outros animais, seja instalando cercas e prendendo os animais durante a noite, período no qual a maioria dos ataques têm ocorrido. Esses procedimentos poderiam reduzir a frequência das catástrofes, o que parece ser pior para a população (Tabela 5).

Com base nesses resultados (Tabela 5), observou-se que as taxas de mortalidade de adultos, cordeiros machos e fêmeas, devem sempre ser monitorados e controlados para assegurar a viabilidade da população. A taxa de mortalidade poderia ser diminuída com melhorias no manejo, especialmente o melhor cuidado com os recém-nascidos, como garantir a ingestão do colostro e cura do umbigo, proteção contra o frio e o vento, controle da mastite nas fêmeas e vacinação no período apropriado. No entanto, a

mortalidade das fêmeas adultas pareceu ser mais crítico para a população e deve ser cuidadosamente monitorada pelos curadores, mesmo sendo considerada baixa, cerca de 5%. Alterações na mortalidade e na fecundidade foram uma ameaça para a persistência de curto prazo da população que Brook et al. (1997) estudaram. Aumentos, ainda que relativamente pequenos, na mortalidade ou diminuição da fecundidade causaram fortes efeitos negativos sobre o tamanho da população e sobre a probabilidade de extinção.

O processo para a realização de uma PVA fornece um quadro importante para a discussão interdisciplinar, ajuda a comparar as opções de manejo e pode ser utilizada para avaliar o impacto das ameaças atuais e futuras que as populações ameaçadas poderão enfrentar (Brook et al., 1997). Uma PVA pode ser usada de diferentes maneiras, seja para fazer previsões quantitativas da probabilidade de extinção, número de animais, ou outras medidas de vulnerabilidade da população (Miller & Lacy, 2005), ou para determinar a eficácia de diferentes opções de manejo (Boyce, 1992).

É essencial que a PVA forneça previsões confiáveis e seja útil para refletir corretamente o impacto relativo de várias ameaças e as consequências de estratégias alternativas de manejo (Brook et al., 1997). Entretanto, a imprevisão é inevitável. Embora, as PVAs não sejam modelos perfeitos, elas são as melhores ferramentas disponíveis atualmente para fazer previsões necessárias sobre os riscos de extinção (Lindenmayer et al., 2003). Trabalhando com os cinco modelos "genéricos" de PVA como GAPPS, INMAT, RAMAS, Metapop, Estágio RAMAS e VORTEX, Brook et al. (2000), observaram que as previsões, no entanto, foram de alta precisão. Segundo esses autores, todos os softwares testados foram adequados para avaliações de riscos da população.

A integração de dados genéticos com taxas demográficas pode fornecer uma compreensão da dinâmica da população mais detalhada, específica e útil para o planejamento da conservação da população (Lindenmayer et al., 1999). O manejo efetivo dos recursos genéticos de animais de fazenda requer o conhecimento das características das raças, incluindo informações do tamanho e estrutura da população, distribuição geográfica e variabilidade dentro e entre as raças. A integração desses diferentes tipos de dados resultará em uma representação o mais completa possível da diversidade biológica das raças (Groeneveld et al., 2010).

7. Conclusão

Apesar de nenhum problema imediato ter sido observado no núcleo de conservação da ovelha Bergamácia Brasileira, o tamanho efetivo reduzido e ausência de outros rebanhos dessa raça poderiam causar problemas em um futuro próximo. De todos os cenários analisados, conclui-se que o número de fêmeas é essencial para manter a viabilidade da população. Os principais aspectos a serem observados em um manejo para a conservação devem ser permitir a entrada de animais, controlar a frequência das catástrofes, não tanto a gravidade, e controlar a mortalidade de fêmeas, sobretudo as adultas (até 30%).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADÁN, S.; FERNÁNDEZ, M.; JUSTO, J.R.; RIVERO, C. J.; ROIS, D.; LAMA, J.. Análisis de la información genealógica en la raza ovina ovella Gallega. **Archives de Zootecnia**, V. 56, p. 587-592, 2007.
- ALDERSON, L **Genetic conservation of domestic livestock**. Ed: CAB International, 1990, 242p.
- ALFONSO, L.; PARADA, A.; LEGARRA, UGARTE, E.; ARANA, A.. Effects on genetic variability of selection against scrapie sensitivity in the Latxa black-faced sheep. **Genetic Selection and Evolution**, v. 38, p. 495-511, 2006.
- ÁLVAREZ, I.; FERNÁNDEZ, I.; ESPINHOSA, MA.; PAYERAS, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; GOYACHE, F.. 2007. Análise del libro genealógico de La raza ovina mallorquina. In: XXXII Jornadas Científicas y XI Jornadas Internacionales de Ovinotecnia y Caprinotecnia. 2007. Palma de Mallorca, 2007.
- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; GONZÁLES, S.. Population viability analysis of the Uruguayan Creole cattle genetic reserve. **Animal Genetic Resource Information**, v. 38, p. 19-33, 2006.
- BALLOU, J.; LACY, B.; MILLER, P.; 2005. I Maned Wolf International Workshop – Population and Habitat Viability Assessment (PHVA): Briefing Book. CENAP/IBAMA, Atibaia, SP, Brazil.
- BAUMUNG, R.; SOLKNER, J.. *Pedigree* and marker information requirements to monitor genetic variability. **Genetic Selection and Evolution**, n. 4, v. 35, p. 369-382, 2003.
- BRITO, D... Genetic consequences of population subdivision: the marsupial *Micoureus paraguayanus* as a case study. **Zoologia**, v. 26, p. 4, p. 684-693, 2009.
- BOYCE, M.S.. Population Viability Analysis. **Annual Reviews**, v.23, p. 481-506, 1992.
- BROOK, B.W.; LIM, L.; HARDEN, R.; FRANKHAM, R.. How secure is the Lord Howe Island woodhen? A population viability analysis using VORTEX. **Pacific Conservation Biology**, v. 3, p. 125-133, 1997.
- BROOK, B. W.; O'GRADT, J. J.; CHAPMAN, A. P.; BURGMAN, M. A.; AKÇAKAYA, H. R.; FRANKHAM, R.. Predictive accuracy of population viability analysis in conservation biology. **Nature**, v. 404, p. 385-387, 2000.
- DALVIT, C.; DE MARCHI, M.; ZANETTI, E.; CASSANDRO, M.. Genetic variation and population structure of Italian native sheep breeds undergoing *in situ* conservation. **Journal of Animal Science**, v. 87, p. 3837-3844, 2009.
- DUCA, C.; YOKOMIZO, H.; MARINI, M. A.; POSSINGHAM, H. P.. Cost – efficient conservation for the White-banded tanager in the Cerrado. **Biological Conservation**, v. 43, p. 563-574, 2009.

- FIEBERG, J.; ELLNER, S.P.. When is it meaningful to estimate an extinction probability? **Ecology**, v. 81, p. 2040-2047, 2000.
- FRANKHAM, R. Conservation genetics. **Annual Review of Genetics**, v.29, p.305-327, 1995.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D.; BRISCOE, D. A.. 2008 Genética e extinção; Consequências genéticas do tamanho populacional pequeno. In:____. Fundamentos de Genética da Conservação. Sociedade Brasileira de Genética., Ribeirão Preto, 77-101.
- GANDINI, G.; C.; OLLIVIER, L.; DANELL, B.; DISTL, O.; GEORGIOUDIS, A.; GROENEVELD, A.; MARTYNIUK, E.; VAN ARENDONK, J.A.M.; WOOLLIAMS, J.A.. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. **Livestock Production Science**, v. 91, p. 173-182, 2004.
- GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ I.; ESPINOSA, M.A.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, L.; GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO L.J; ÁLVAREZ I. Análise demográfica y genetic de la raza ovina Mallorquina. **ITEA**. V. 106, p. 3-14, 2010.
- GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; ÁLVAREZ I.; FERNÁNDEZ I.; ROYO L.J; GOMEZ, E.. Genetic analysis of calf survival at different preweaning ages in beef cattle. **Livestock Production Science**, v. 83, p. 13–20, 2003.
- GROENEVELD, L.F.; LENSTRA, J.A.; EDING, H.; TORO, M.A.; SCHERF, B.; PILLING, D.; NEGRINI, R.; FINLAY, E.K.; JIANLIN, H.; GLOBALDIV CONSORTIUM, Genetic diversity in farm animals – a review. **International Society for Animal Genetics, Animal Genetics**, v. 41, p. 6-31, 2010.
- GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J. PIEDRAFITA, J.. *Pedigree* analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetic Selection and Evolution**, v. 35, p. 43-63, 2003.
- GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F.. A note on ENDOG: a computer program for analysing *pedigree* information. **Journal of Animal Breeding Genetics**, v. 122, p. 172-176, 2005.
- GUTIÉRREZ, J.P.; MARMI, J.; GOYACHE, F.; JORDANA, J.. *Pedigree* information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed **Journal of Animal Breeding Genetics**, v. 122, p. 378-386, 2005a.
- GUTIÉRREZ, J. P.; ROYO, L. J.; ÀLVAREZ, I.; GOYACHE, F.. Molkin v. 2.0: A computer program for genetic Analysis of populations using molecular coancestry information. **Journal of Hereditary**, v. 96, p. 718-721, 2005b.
- HALL, S.J.; RUANE, J.. Livestock breeds and their conservation: a global overview. **Conservation Biology**, v. 7, p. 815-825., 1993.
- HARRIS, R.B.; MAGUIRE, L.A.; SHAFFER, M.L.. Samples sizes for minimum viable population estimation. **Conservation Biology**, v. 1, p. 72-76, 1987.

- HUBY, M.; GRIFFON, L.; MOUREAUX, S.; DE ROCHAMBEAU, H. ; BURGE, C.D. ; VERRIER, E.. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. **Genetic Selection and Evolution**, v. 35, p. 637–655, 2003.
- KEITH, D.A.; AKÇAKAYA, R.; THUILLER, W.; MIDGLEY, G.F.; PEARSON, R.G.; PHILLIPS, S.J.; REGAN, H.M.; ARAÚJO, M.B.; REBELO, TG.. Predicting extinction risks under climate change: coupling stochastic population models with dynamic bioclimatic habitat models. **Biology Letters**, v. 4, p. 560-563, 2008.
- LACY, R.C.. Loss of genetic diversity from managed populations: Interacting effects of drift, mutation, immigration, selection, and population subdivision **Conservation Biology**, v. 1, p. 143-158, 1987.
- LACY, R.C.. Analysis of founder representation in *pedigrees*: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.
- LINDENMAYER, D.; LACY, R.; TYNDALEBISCOE, H.; TAYLOR, A.C.; VIGGERS, K.L.; POPE, M.L..Integrating demographic and genetic studies of the Greater Glider *Petauroides volans* in fragmented forests: predicting movement patterns and rates for future testing, **Pacific Conservation Biology**, v. 5, p. 2-8, 1999
- LINDENMAYER, D.B.; LACY, R.C.; POPE, M.L.. Testing a simulation model for population viability analysis. **Ecological Applications**, v. 10, p. 580-597, 2000.
- LINDENMAYER, D. B.; POSSINGHAM, H. P.; LACY, R. C.; MCCARTHY, M. A.; POPE, M. L.. How accurate are population models? Lessons from landscapes-scale tests in a fragmented system. **Ecology Letters**, v. 6, p. 41-47, 2003.
- LUHKEN, G.; BUSCHMANN, A.; BRANDT, H.; EIDEN, M.; GROSCHUP, M.H.; ERHARDT, G.. Epidemiological and genetical differences between classical and atypical scrapie cases. **Veterinary Research**, v. 38, p. 65–80, 2007.
- MILLER, P. S., R. C. LACY. VORTEX. A stochastic simulation of the simulation process. Version 9.50 user's manual. **Conservation Breeding Specialist Group (IUCN/SSC)**. Apple Valley, Minnesota, 2005.
- MILLS, L.; S.; ALLENDORF, F.; W.. The one-migrant-per-generation rule in conservation management. **Conservation Biology**, v. 10, p. 1509-1518, 1996.
- MIRANDA; R.M.; MCMANUS, C.. Desempenho de ovinos Bergamácia na região de Brasília. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, p. 1661-1666, 2000.
- MOUREAUX, S.; VERRIER, É.; RICARD, A.; MÉRIAUX, J.C.. Genetic variability within French race and riding horse breeds from genealogical data and blood marker polymorphisms. **Genetic Selection and Evolution**, v. 28, p. 83-102, 1996.
- NOTTER, D.R.. The Importance of Genetic Diversity in Livestock Populations of the Future. **Journal of Animal Science**, v. 77, 61–69, 1999.

- PAIVA, S.; SILVÉRIO, V.C.; EGITO, A.A.; MCMANUS, C.; FARIA, DA.; MARIANTE, A.S.; CASTRO, S.R.; ALBUQUERQUE, M.S.M.; DERGAM, J.A.; 2005. Genetic variability of the Brazilian hair sheep breeds. *Pesq. Agrop. Bras.* 40, 887-893.
- PARLAND, S.M.C.; KEARNEY, J.F.; RATH, M.; BERRY, D.P.. Inbreeding trends and *pedigree* analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **Journal of Animal Science**, v.85, p. 322-331, 2007.
- SABBIONI, A.; VALENTINO, B.; FRANCESCA, T.M.; PAOLA, S.. Genetic variability and population structure in the Italian Haflinger Horse from *pedigree* analysis. **Ann. Fac. Medic. Vet. di Parma**, v. 27, p. 199 – 210, 2007.
- SCHERF, B.D. **World Watch List for domestic animal diversity**, Third ed. 2000 Food and Agricultural Organization of the United Nations, Rome.
- TORO, M.A.; CABALLERO, A.; 2005. Characterization and conservation of genetics diversity in subdivided populations. *Philosoph. Trans. of The Royal Soc. B.* 360, 1367-1378.
- TORO, M. A.; MEUWISSEN, T.H.E.; FERNÁNDEZ, J.; SHAAT, I.; MAKI-TANILLA, A.. Assessing the Genetic Diversity in small farm animal populations. **Animal**, p. 1-15, 2011.

CAPÍTULO 3

Análise de Viabilidade Populacional e Genealógica de um Núcleo de Conservação de Suínos Moura

1. Resumo

Foi realizado um estudo da viabilidade populacional e do *pedigree* dos animais do núcleo de conservação Suíno Moura da Embrapa Suínos e Aves. Para a análise de *pedigree* foi usado o Software ENDOG e para a Análise de Viabilidade Populacional o VORTEX. Os dados foram obtidos com os curadores do rebanho e totalizaram 411 animais nascidos entre os anos de 1999 e 2011 para a análise com o ENDOG. Os dados de entrada do VORTEX foram respondidos em um questionário próprio enviado para os curadores do rebanho. O Coeficiente de endogamia (F) foi de 0,06%, O tamanho efetivo da população médio (N_e) foi de 30 animais e o intervalo entre gerações médio foi de 3,48 anos. A probabilidade de extinção calculada pelo VORTEX foi 0% para um período de simulação de 100 anos e 3% para um período de 500 anos. Foi observado que os fatores determinantes para a viabilidade dessa população são a entrada de animais e a prolificidade da raça. Esses parâmetros devem ser observados de perto no programa de conservação dessa raça. Apesar do estudo não indicar risco imediato de extinção dessa população, esse núcleo deve ser sempre analisado e seus parâmetros populacionais controlados para evitar a extinção desse rebanho que é um dos últimos dessa raça.

Genealogical analysis and population viability analysis of a conservation nucleus of Moura

Pig

2. Abstract

A *pedigree* and a viability analysis of a population of Moura breed from the Nucleus of conservation from Embrapa Swine and Poultry was carried out. ENDOG Software was used for *pedigree* analysis and VORTEX was used for Population Viability Analysis. The data were obtained with the curator of the herd and totalized 411 animals born between the years 1999 and 2011 for the analysis with ENDOG. The input data in VORTEX were obtained from a questionnaire answered by the curator of the herd. The Inbreeding Coefficient (F) was 0.06%, the average effective population size (Ne) was 30 animals with an average generation interval of 3.48 years. The extinction probability, calculated by VORTEX, was 0% for a simulation period of 100 years and 3% for a period of 500 years. It was observed that the parameters determinant for the viability of this population were the entry of animals and prolificacy of the breed. These parameters should be observed closely in the conservation program of this breed. Although the study did not indicate immediate risk of extinction of this population, this nucleus should be analyzed constantly and population parameters controlled to prevent the extinction of this herd that is one of the last of that breed.

3. Introdução

Vários animais domésticos foram trazidos na época da colonização das Américas pelos portugueses e espanhóis (Egito et al., 2002). A partir da chegada dos europeus ao continente americano, houve várias introduções de animais de fazenda no Brasil, resultando em uma grande variedade de raças que por séculos sustentaram a produção animal no País (Mariante et al., 2009).

Por meio da seleção natural e da deriva genética, essas raças naturalizadas tornaram-se adaptadas ao ambiente e às condições de criação por todos os ecossistemas brasileiros, adquirindo características únicas como rusticidade, prolificidade e, provavelmente, resistência a endo e ectoparasitas (Egito et al., 2002; Mariante et al., 2009).

As raças naturalizadas têm um potencial genético bastante valioso para a agricultura sustentável, pois representam a consequência do processo local de adaptação. Ao contrário das raças comerciais, fortemente selecionadas para a produção, as raças locais evoluíram como resultado da seleção natural de séculos, tornando-se fonte de variabilidade genética (Armstrong et al., 2006).

As raças de suíno brasileiras são o resultado de um processo evolutivo e de adaptação e podem ser necessárias para atender às demandas futuras do mercado e mudanças no ambiente de produção (Gandini et al., 2004). Entretanto, é difícil prever qual será a exigência futura do mercado consumidor, visto que, no caso dos suínos, o tempo necessário para que o melhoramento genético obtido no rebanho núcleo alcance o rebanho comercial (defasagem genética) é de, aproximadamente, seis a sete anos e, conseqüentemente, só alcançará o mercado consumidor, entre sete e oito anos (Lopes, 2004).

Em muitos países houve a tendência a negligenciar a grande variedade de rebanhos locais em favor de raças exóticas e seus cruzamentos (Gandini et al., 2004). A concentração em algumas raças na indústria da reprodução suína torna outras raças, especialmente as naturalizadas, não comercialmente viáveis dentro desse modelo de produção (Oldenbroek, 2007). De acordo com esse autor, a velocidade da industrialização e a especialização, aliadas à falta de conservação in vivo de suínos, faz com que essa espécie mereça receber especial atenção em programas regionais ou nacionais de conservação. De acordo com Barrera et al. (2007), a biodiversidade dos recursos genéticos animais é parte integrante da riqueza biológica de uma nação e sua conservação é fundamental para a sociedade.

O estudo da variabilidade genética e do fluxo gênico é necessário para o estabelecimento do manejo apropriado do rebanho. Alguns simples parâmetros demográficos, altamente dependentes do manejo e das decisões de cruzamento têm um grande impacto na variabilidade genética (Valera et al., 2005).

A variabilidade genética pode ser estudada por meio da análise de *pedigree* utilizando dados demográficos da população. O estudo da demografia permite a descrição da estrutura e da dinâmica do grupo ou dos animais que entram e saem da população (Gutiérrez et al., 2003), bem como pode evidenciar importantes fatores que afetam a história genética da população (Valera et al., 2005).

A análise de viabilidade populacional (PVA) é um processo que abrange avaliação de dados e faz um modelo de uma população para antecipar a probabilidade desta persistir por um período arbitrariamente escolhido no futuro (Boyce, 1992). Portanto, a PVA é a estimativa da probabilidade de extinção e outras medidas de uma população realizada por meio de análises que incorporam ameaças identificáveis para a sobrevivência e a transformam em modelos do processo de extinção (Miller & Lacy, 2005).

O objetivo desse trabalho foi o de analisar a população de suínos Moura da Embrapa Suínos e Aves, por meio da análise de *pedigree* e de viabilidade populacional, testando esses métodos para uma possível aplicação à outras populações de animais naturalizados ou ameaçados.

4. Materiais e Métodos

Nesse trabalho foram analisados os dados dos suínos da raça Moura do núcleo de conservação do da Embrapa Suínos e Aves, localizada em Concórdia - SC. Os dados para a análise de *pedigree* e da viabilidade populacional foram obtidos diretamente com os curadores desse núcleo.

A Embrapa Suínos e Aves é uma unidade descentralizada da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, vinculada ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. A expansão da suinocultura e da avicultura nos anos 60 e 70 levou à criação, em 13 de junho de 1975 do Centro Nacional de Pesquisa de Suínos, destinado à pesquisa em suinocultura. Três anos depois, em 1978, o Centro recebeu também a incumbência da pesquisa em aves, passando a se chamar Centro Nacional de Pesquisa de Suínos e Aves, e é hoje conhecido como Embrapa Suínos e Aves.

A partir de 1982, a Embrapa Suínos e Aves passou a ocupar a área de 210 hectares no distrito de Tamanduá, contando com laboratórios de sanidade animal e de análises físico-químicas, sistemas de produção, campos experimentais, estação meteorológica, fábrica de ração, prédio para administração e pesquisa e biblioteca especializada em suínos e aves.

Atualmente o núcleo de conservação Moura conta com um plantel Moura puro de cerca de 20 fêmeas e 10 machos, de diferentes linhagens. Estas linhagens são cruzadas entre si quando é necessário expandir o plantel puro para reposição. Quando não há necessidade de repor animais, as fêmeas são cruzadas com reprodutor MS115, a terceira geração de suíno light desenvolvido pela Embrapa.

4.1 Análise de *pedigree*

Os parâmetros genéticos e populacionais foram computados usando o programa ENDOG, versão 4.8, para o rebanho de suínos Moura da EMBRAPA Suínos e Aves. As informações do *pedigree* abrangeram os animais nascidos entre 1999 e 2011, totalizando 411 animais, dos quais 255 eram fêmeas e 156 eram machos. Foram realizadas duas análises, uma com todos os animais do *pedigree* e outra considerando somente os animais que atualmente fazem parte do rebanho. Para isso, foi determinado os animais com data de nascimento a partir de 2006, o que totalizou 364 registros.

4.2 Análise da viabilidade populacional

As simulações das interações entre fatores demográficos, ambientais e genéticos foram feitas no programa Vórtex, versão 9.99. As explicações sobre esse programa foram retiradas de Miller e Lacy (2005). Foi elaborado um questionário para coletar as informações necessárias para dar entrada no programa o qual deveria ser respondido pelos curadores dos rebanhos de conservação ligados ao Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos Animais. O cenário oriundo desse questionário foi denominado Cenário Base. Essas informações estão resumidas na Tabela 1.

O VORTEX modela a dinâmica da população como eventos discretos e sequenciais que ocorrem de acordo com a distribuição das variáveis aleatórias informadas pelo operador (Tabela 1). Esse programa simula uma população passando por uma série de eventos que descrevem um ciclo anual de um típico organismo com reprodução sexuada: seleção dos parceiros, reprodução, mortalidade, incremento da idade a cada ano, migração, dentre outros.

Ao final das simulações, o programa fornece as seguintes informações:

- 1) Probabilidade de extinção da população. Para um tamanho máximo (N_{max}), a extinção ou sobrevivência da população irá depender da taxa de crescimento médio (r), que é o número de nascimentos menos o número de mortes, bem como da flutuação desse parâmetro devido à variação ambiental. A extinção pode ser definida quando apenas permanece um sexo ou quando a população fica abaixo de um número pré-determinado pelo operador;
- 2) Tempo médio até a extinção, caso a população se extinga em pelo menos 50% das simulações;
- 3) Média, tamanho e variação genética dentro da população remanescente.

O Vórtex simula a perda da variedade genética por meio da simulação da transmissão de alelos dos pais para os filhos em um loco neutro hipotético. Para cada animal no começo da simulação são designados dois alelos únicos nesse loco. Então para cada indivíduo criado durante a simulação é aleatoriamente atribuído um dos alelos de cada genitor.

O programa monitora quantos alelos originais permanecem na população e a média da heterozigose e a diversidade genética relativas ao nível inicial. Na análise em estudo, foi especificado que a simulação deveria iniciar a partir da distribuição de frequências

alélicas conhecidas obtidas por marcadores microssatélites analisados no Laboratório de Genética Animal – LGA, da Embrapa Cenargen, resumidos na Tabela 2.

Tabela 1. Parâmetros demográficos de entrada no VORTEX usado para simular a população de Suínos Moura.

Dado de entrada	Valor
Número de iterações	500
Número de anos	100
Sistema de reprodução	Polígamo
Idade a primeira reprodução (F/M)	1/1
Depressão endogâmica?	Sim
Número máximo de partos por ano	2
Tamanho máximo da ninhada	22
Razão sexual média ao nascimento	50% (Machos)
Idade máxima de reprodução	5
Fêmeas adultas na reprodução (%)	80
Probabilidade da fêmea ter 0 parto	2
Probabilidade da fêmea ter 1 parto	40
Probabilidade da fêmea ter 2 partos	58
Mortalidade de fêmeas idade entre 0 e 1 (%)	8
Mortalidade de fêmeas adultas >1 (%)	5
Mortalidade de machos idade entre 0 e 1 (%)	8
Mortalidade de machos adultos >1	5
Catástrofe 1: Não determinada pelo curador	
Frequencia (%)	1
Efeito na reprodução (%)	5%
Efeito da sobrevivência (%)	10%
Machos na reprodução	10
População inicial	12
Capacidade de suporte do ambiente (K)	120
São retirados animais?	Sim
80 machos e 50 fêmeas por ano	
Entram animais na população?	Sim
20 fêmeas e 3 machos por ano	

Tabela 2 Frequência alélica do núcleo de conservação dos Suínos Moura da Embrapa Suínos e Aves

Locus	Número de alelos por locus	Frequência alélica									
S0026_1	8	,01	0,05	0,01	0,03	0,42	0,01	0,29	0,18		
S0155_1	9	,01	0,18	0,01	0,09	0,01	0,23	0,01	0,43	0,03	
SW857_1	6	,05	0,01	0,22	0,17	0,09	0,46				
S0101_1	5	,32	0,38	0,11	0,18	0,01					
SW830_1	3	,8	0,19	0,01							
S0097_1	7	,27	0,30	0,01	0,01	0,13	0,08	0,20			
SW911_1	7	,01	0,04	0,10	0,50	0,20	0,10	0,05			
SW2406_1	5	,73	0,01	0,02	0,03	0,21					
S0068_1	10	,10	0,17	0,22	0,01	0,28	0,01	0,01	0,10	0,02	0,08
OPN_1	6	,34	0,06	0,01	0,51	0,05	0,03				
SW936_1	9	,07	0,27	0,03	0,01	0,03	0,01	0,31	0,17	0,10	
SW1517_1	8	,09	0,09	0,18	0,07	0,02	0,17	0,14	0,24		
S0002_1	5	,01	0,01	0,6	0,36	0,02					
S0178_1	6	,03	0,09	0,01	0,07	0,01	0,79				
SW72_1	8	,28	0,01	0,01	0,01	0,54	0,01	0,01	0,13		
S0228_1	4	,84	0,14	0,01	0,01						
SW445_1	6	,34	0,11	0,06	0,03	0,18	0,28				

Para determinar quais fatores mais afetam a população, 17 novos cenários foram criados alterando somente um dos parâmetros do Cenário Base. Esses cenários adicionais estão descritos na Tabela 9.

5. Resultados e Discussão

5,1 Análise de *Pedigree*

Foi considerada como população de referência a formada por os animais que tinham ambos os pais conhecidos. Foi observado que as informações do *pedigree* com a identificação dos genitores estava bem completa com 85% dos animais com os pais conhecidos.

Os valores encontrados para o número efetivo de fundadores (fe), número efetivo de ancestrais (fa), coeficiente de parentesco médio (AR), coeficiente de endogamia (F), tamanho efetivo da população (Ne) e índice de conservação genética médio (ICG), para a população de referência, estão listados na Tabela 3, todos os animais do *pedigree*, e na Tabela 4, animais do rebanho atual.

Tabela 3. Resumos dos valores da análise de *pedigree*.

Parâmetro	Valor
Número efetivo de fundadores (fe)	14
Número efetivo de ancestrais (fa)	14
Coeficiente de parentesco médio (AR)	8,38%
Coeficiente de Endogamia (F)	0,06%
Índice de conservação genética médio (ICG)	1,36

Tabela 4. Resumos dos valores da análise de *pedigree* do rebanho atual.

Parâmetro	Valor
Número efetivo de fundadores (fe)	15
Número efetivo de ancestrais (fa)	14
Coeficiente de parentesco médio (AR)	8,38%
Coeficiente de Endogamia (F)	0,06%
Índice de conservação genética médio (ICG)	1,36

A população de referência considerada, animais com os dois pais conhecidos, foi menor do que a usada para analisar os fundadores. De um total de 411 animais no *pedigree*, 353 puderam ser incluídos na população de referência. A população base, com pelo menos um dos pais conhecidos, foi de 58 animais. Quando considerado somente o rebanho

atual, a população base caiu para 52 animais. O número de ancestrais que contribuíram para a população de referência foi 31, entretanto somente 5 explicam 50% dos ancestrais.

Analisando somente o rebanho atual, a população de referência foi de 364 animais e 35 ancestrais contribuíram para a população de referência, com somente 5 explicando 50% dos ancestrais. Para computar o F deve-se considerar somente a contribuição marginal de um ancestral, isto é, a contribuição dada por um ancestral que não pode ser explicada por outro ancestral escolhido anteriormente (Valera et al., 2005).

Gargalos ou uso intensivo de um reprodutor ou dos seus descendentes pode ser a razão para a perda da diversidade alélica pela população fundadora. O número efetivo de fundadores e o número efetivo de ancestrais podem ser usados para indicar a importância do gargalo ou a influência de alguns reprodutores no desenvolvimento da população (Hamann & Distl, 2008).

De acordo com Valera et al. (2005) o AR pode ser usado como alternativa ou complementação ao F para a conservação da população. O uso preferencial de animais com o AR menores para a reprodução auxilia no balanceamento da contribuição desigual de fundadores.

O coeficiente de endogamia médio foi de 0,06% (Tabelas 3 e 4), valor considerado baixo para a população. Estimar o coeficiente de endogamia é complexo, pois isso geralmente requer o conhecimento do *pedigree* dos indivíduos. Além disso, o cálculo do coeficiente a partir das informações de *pedigree* requer a especificação do grau de relacionamento entre os fundadores (Hedrick & Kalinowski, 2000). O cálculo do coeficiente de endogamia é muito sensível à profundidade e à qualidade do (Valera et al., 2005).

De acordo com Toro et al. (2000), para o cálculo do F é preferível usar as informações do *pedigree* ao invés, de, por exemplo, usar as informações dos marcadores moleculares para esse fim. Ainda de acordo com esses autores, os marcadores moleculares podem ser úteis para verificar, corrigir ou até completar os dados do *pedigree*.

A análise do *pedigree* sempre começa com a população fundadora, isto é, indivíduos de ancestralidade desconhecida e presumidamente não relacionados, a partir dos quais a população do *pedigree* descende (Lacy, 1989). Quando a informação sobre a população fundadora não está disponível, assume-se que os fundadores não são aparentados e não são endogâmicos (Hedrick & Kalinowski, 2000). O resultado dessa análise pode ser usado para identificar os fundadores com pouca ou muita contribuição genética para o *pedigree*, isto é, probabilidade de perda e de ocorrência dos alelos. A análise dos fundadores geralmente superestima a variabilidade genética presente na população uma vez que se

assume que animais com pais desconhecidos não são relacionados. Entretanto, mesmo que todos os fundadores tenham contribuído igualmente, a variabilidade genética ainda pode ser diminuída pela deriva genética (Lacy, 1989).

O tamanho efetivo da população (N_e), médio, por ano de nascimento dos animais, foi de 30 e decresceu no período analisado (Figura 1). O tamanho do rebanho não aumentou, provavelmente devido a falta de animais para reposição e dificuldades estruturais em se manter um rebanho maior. Esse tamanho populacional pode estar causando problemas na viabilidade do rebanho. Sollero et al. (2009) estudando as raças naturalizadas de suínos brasileiros observou que as raças Moura e Monteiro apresentaram as mais baixas diversidades genéticas, levando-se em consideração o número efetivo de alelos e na heterozigosidade observada. A análise do *pedigree* é sempre recomendada para permitir que o planejamento da reprodução maximize o tamanho efetivo em relação ao tamanho total da população e, conseqüentemente, aumente a variabilidade e diminua os efeitos da deriva genética (Lacy, 1989).

De acordo com Caballero e Toro (2000), o N_e é mais usado com propósito preditivo do atual estado da população e do seu futuro do que para avaliar a análise do *pedigree*. Entretanto, o conceito do N_e pode ser usado para entender a relação entre as ferramentas do *pedigree*, como a endogamia, coancestralidade e

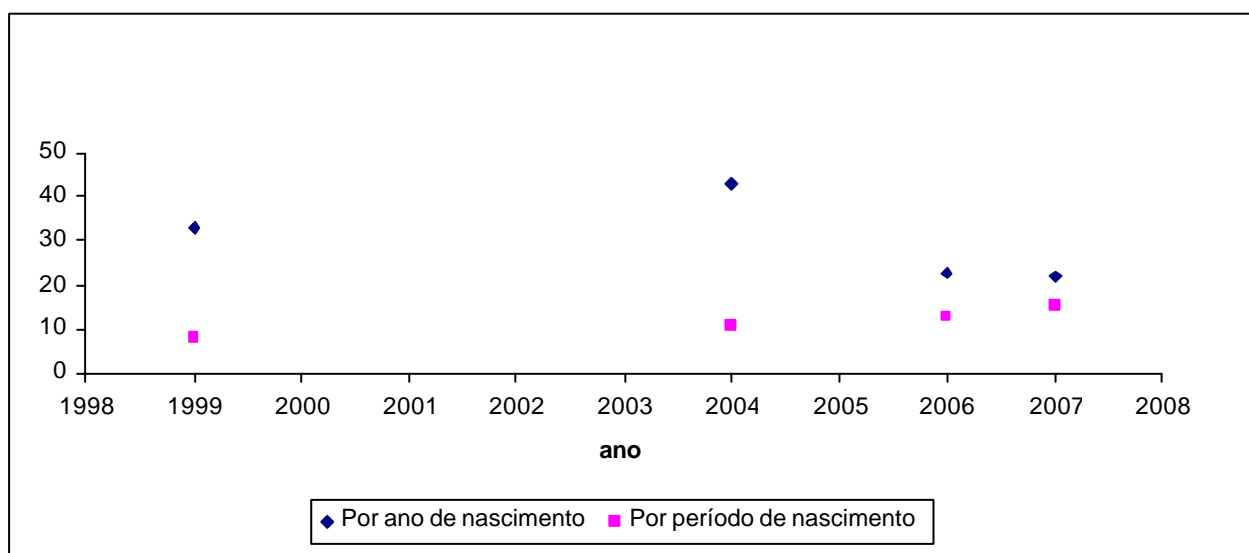


Figura 1. Tamanho efetivo da população de Suínos Moura do Núcleo de conservação entre os anos 1998 a 2008

Os parâmetros médios de integridade do *pedigree* estão resumidos nas Tabelas 5 e 4. Ainda são poucas gerações disponíveis para avaliação dentro do rebanho Moura. Isso é comum em programas de conservação uma vez que só recentemente houve interesse pela conservação destes animais, tempo ainda não suficiente para se obter informações detalhadas da sua genealogia.

Tabela 5. Resumo dos parâmetros de integridade do *pedigree* dos Suínos Moura

Parâmetro	Valor
Número médio de gerações completas	1,32
Número médio máximo de gerações	2,64
Equivalente médio de gerações completas	1,78

O intervalo entre gerações (Tabela 6) foi mais alto para os machos e quando comparado com os valores obtidos no VORTEX (Tabela 8), percebe-se que os valores obtidos com a análise de *pedigree* foram menores (Tabela 6).

Os intervalos entre gerações (Tabela 6 e 7), foram considerados altos para os padrões da espécie, que costumam apresentar intervalos entre gerações menores, 24,3 meses para suínos Landrace (Lambeber, 1980) e 29,4 meses para a raça Hampshire (Lambeber & Costa, 1982). Estudando porcos ibéricos, Toro et al. (2000) encontraram o intervalo entre gerações de 2,44 anos. Mesmo quando se considera somente os animais da população atual, a qual não apresentou diferença em relação ao cálculo do intervalo entre gerações com o *pedigree* completo (Tabela 7). Uma possível explicação seria que, no *pedigree* analisado, há 27 registros de animais nascidos em 1999. O próximo nascimento foi registrado somente em 2004, indicando falhas no registro desse *pedigree*.

Tabela 6. Intervalo entre geração do Núcleo de Conservação dos suínos Moura

Intervalo entre geração	Valor
Pai-Filho	4,21
Pai-Filha	5,41
Mãe-Filho	3,32
Mãe-Filha	3,48
Média total	4,31
<hr/>	
Idade media dos pais ao nascimento dos filhos	
Pai-Filho	2,94
Pai-Filha	3,89
Mãe-Filho	2,45
Mãe-Filha	2,39
Média total	3,13

Tabela 7. Intervalo entre geração do Núcleo de Conservação dos suínos Moura considerando os animais da população atual.

Intervalo entre geração	Valor
Intervalo entre geração	
Pai-Filho	4,43
Pai-Filha	5,44
Mãe-Filho	2,89
Mãe-Filha	3,48
Média total	4,21
<hr/>	
Idade media dos pais ao nascimento dos filhos	
Pai-Filho	3,74
Pai-Filha	3,84
Mãe-Filho	2,40
Mãe-Filha	2,39
Média total	3,10

.Os índices de fixação (F-statistics) descrevem o nível de heterozigosidade da população. A estrutura da população pode ser dividida nos seguintes níveis: do indivíduo (I), da subpopulação (S) e o da subpopulação em relação ao total (T). A estatística F apresenta o quanto a endogamia influencia dentro da subpopulação (F_{IS}), entre as subpopulações (F_{ST}) e

dentro da população inteira (F_{IT}). No plantel Moura analisado foram encontrados os seguintes valores: $F_{IS} = -0,043073$, $F_{ST} = 0$, $F_{IT} = -0,043073$. O F_{ST} foi zero, indicando que não há subdivisão da população.

O F_{IS} determina se os acasalamentos são ao acaso e auxilia na identificação de subpopulações, uma vez que, os animais analisados sejam da mesma subpopulação, não se espera alterações nesse parâmetro (Balloux & Lugon-Moulin, 2002). O valor do F_{IS} pode ser negativo caso os cruzamentos sejam menos relacionados do que a média da subpopulação (Nagylak, 1998). O FIS negativo pode indicar um excesso de heterozigotos. O FIS pode variar de -1 a 1, dependendo da heterozigosidade esperada e observada. Caso esse valor seja -1, significa que a população é completamente *outbred* (<http://www.uwyo.edu/dbmcd/molmark/lect05/lect5.html>).

Igualmente ao FIS o FIT pode ser negativo ou positivo, com o valor negativo indicando um excesso de heterozigotos (Guries & Ledig, 1979).

5.7. Análise de Viabilidade Populacional

A probabilidade de extinção foi 0, isto é, das 500 iterações realizadas no VORTEX, em nenhuma houve extinção da população. A população aumentou rapidamente até atingir a capacidade de suporte do ambiente (K) com uma taxa de crescimento determinístico médio (Det r) de 1,71 (Tabela 9).

Na Figura 2 está demonstrada a comparação entre o crescimento determinístico e o estocástico (Stoch r) da população. O Det r assume que não há depressão endogâmica, os acasalamentos são sem restrições e não há entrada e nem saída de animais da população. Portanto, simula como seria a população sem qualquer flutuação devido ao acaso ou ambiente. O Stoch r considera a ocorrência de eventos ambientais ou aleatórios.

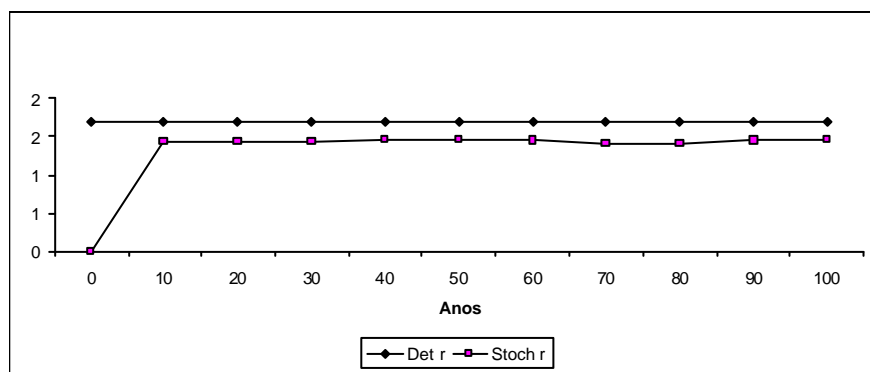


Figura 2. Comparação entre as taxas de crescimento Det r e Stoch r.

Há uma pequena diferença entre o Det.r e o Stoch.r. Isso poderia indicar pouca influência ambiental na população. Entretanto, as respostas do questionário dadas pelo curador do rebanho, foram consideradas bastante otimistas, o que poderia explicar os bons resultados quando o cenário base é analisado sozinho.

A taxa de crescimento estocástica (Stoch.r) é geralmente menor do que a determinística (Det.r) e somente terão valores próximos se o crescimento da população for estável e robusto. O Stoch.r será notavelmente menor do que o Det.r caso a população esteja sujeita a grandes flutuações devido à variação ambiental, catástrofes ou instabilidades genéticas e demográficas próprias das pequenas populações (Miller & Lacy, 2005).

Os intervalos entre gerações (Tabela 8), nesse caso, referem-se ao valor médio ao final dos 100 anos de simulação e aproximam-se mais da realidade da espécie (Lambeber, 1980; Lambeber & Costa, 1982). É importante determinar esse parâmetro com segurança, pois o intervalo entre gerações é fundamental em um programa de seleção, pois intervalos muito grandes diminuem o ganho genético anual para as características selecionadas, o que pode reduzir o retorno econômico do programa (Carneiro et al., 2009).

O número médio final da população foi bem próximo do K, indicando uma capacidade de crescimento da população, caso isso seja possível considerando as condições de criação.

Tabela 8. Resumo dos resultados obtidos na simulação com o programa VORTEX

INTERVALO ENTRE GERAÇÕES	
Macho	1,77
Fêmea	1,77
Tamanho médio final da população	118,58
Distribuição final média da população (tamanho)	
Machos	51,3
Fêmeas	61,27

Foram testados novos cenários na análise de viabilidade populacional para determinar os maiores fatores de ameaça à população e sugerir estratégias de manejo para a conservação. Foram criados 26 novos cenários, conforme descrito na Tabela 9.

Tabela 9. Análise de viabilidade populacional do rebanho Suíno Moura, considerando o cenário base e adicionais.

	r	L fêmeas	L Machos	PE	População			N alelos
					final	He	Ho	
Cenário base	1,71	1,77	1,77	0	118,58	84,00	86,00	34,46
Sem entrada	1,71	1,77	1,77	100	0,00	0,00	0,00	0,00
Duas catástrofes	1,54	1,71	1,71	0	115,67	86,00	88,00	42,83
100% machos reprodução	1,71	1,77	1,77	0		93,00	94,00	46,00
Menor prolificidade	1,34	1,91	1,91	0	116,13	87,00	89,00	47,37
100% fêmeas reprodução	1,90	1,71	1,71	0	119,26	80,00	81,00	28,19
20% mortalidade de leitões	1,60	1,81	1,81	0	120,67	85,00	87,00	39,04
50% mortalidade de leitões	1,24	1,96	1,96	0	114,02	88,00	91,00	54,09
70% mortalidade de leitões	0,89	2,15	2,15	0	95,32	93,00	96,00	69,39
60% mortalidade de leitões fêmeas	1,08	2,04	2,04	0	104,94	95,00	98,00	72,00
Maior severidade catástrofe	1,59	1,74	1,74	0	106,38	87,00	90,00	42,63
Menos animais entrando	1,71	1,77	1,77	0	96,91	73,00	76,00	14,16
Maior frequência catástrofe	1,64	1,75	1,75	0	118,34	84,00	86,00	36,70
70% mortalidade de leitões femeas	0,89	2,15	2,15	0	96,97	97,00	98,00	83,00
Maior mortalidade adultos	1,65	1,43	1,43	0	118,70	84,00	86,00	36,02
Sem depressão endogâmica	1,71	1,77	1,77	0	118,91	77,00	79,00	28,73
Sem dados genéticos	1,71	1,77	1,77	0	119,37	84,00	85,00	34,16
500 anos	1,71	1,77	1,77	3	118,48	0,01	0,01	1,00
População inicial ENDOG	1,71	1,77	1,77	0	119,43	83	85	34,52
Ninhada menor	1,70	1,51	1,51	0	119,09	83,00	85,00	35,35
Mais animais saindo	1,71	1,77	1,77	0	115,31	86,00	88,00	41,26
Máx. um parto por ano	1,36	1,91	1,91	0	117,33	87,00	89,00	47,49
Menor reprodução, mais saída e menos entrada	1,34	1,58	1,58	100	0,00	0,00	0,00	0,00
Mais saída e menos entrada de animais	1,35	1,91	1,91	100	0,00	0,00	0,00	0,00
Menor reprodução e mais saída de animais	1,34	1,58	1,58	2	2,91	81,00	86,00	24,67
Menor reprodução e menos entrada de animais	1,34	1,58	1,58	100	0,00	0,00	0,00	0,00

r: Taxa de crescimento da população; L: Intervalo entre gerações; PE: Probabilidade de extinção; He: Heterozigosidade esperada; Ho: Heterozigosidade observada; N alelos: Número médio final de alelos.

No desenho desses cenários adicionais, foi tentado elevar ou reduzir um parâmetro para tentar determinar qual impacto isso teria na população. Pelos resultados da Tabela 9, percebe-se que o fator que mais afetou a população foi a ausência ou diminuição da entrada de animais, levando a população a extinção em menos de 10 anos. Na Figura 3 está demonstrada a evolução do coeficiente de endogamia da população no cenário sem entrada de animais. Percebe-se que o valor máximo foi atingido nos primeiros 10 anos da simulação.

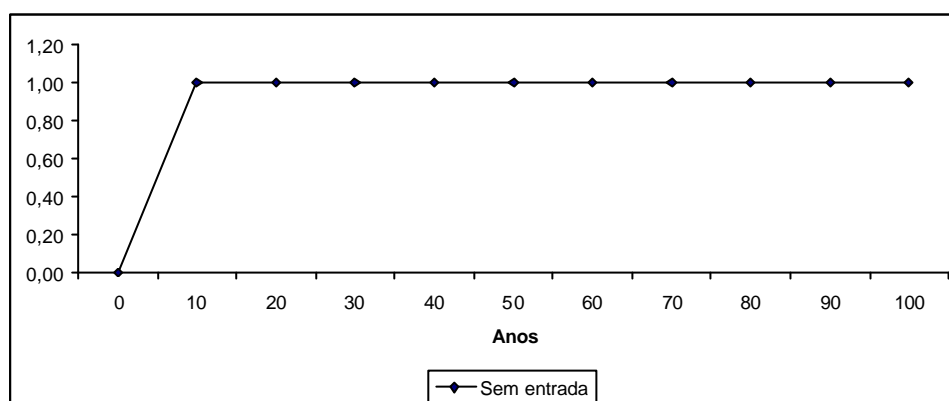


Figura 3. Representação do coeficiente de endogamia no cenário sem entrada de animais.

O termo endogamia se refere ao cruzamento de indivíduos aparentados e a depressão endogâmica é definida como a redução de fitness dos filhos desses cruzamentos, quando comparados com os filhos de cruzamentos de pais não aparentados (Hedrick & Kalinowski, 2000).

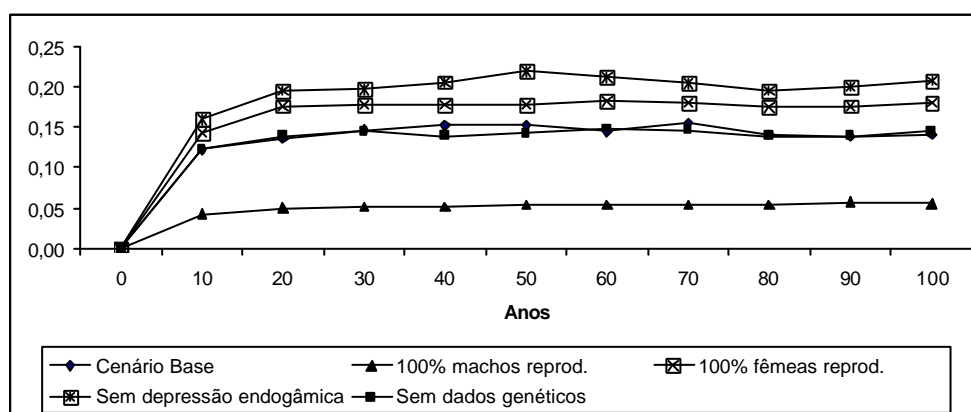


Figura 4. Comparação da evolução do coeficiente de endogamia em diferentes cenários

Quando a evolução do coeficiente de endogamia é comparado em diferentes cenários (Figura 4) percebe-se que o cenário com o melhor desempenho desse parâmetro foi o com 100% dos machos disponíveis para a reprodução. O cenário com maior coeficiente de endogamia foi o que desconsiderava a possibilidade de depressão endogâmica. Percebe-se

ainda que não houve diferença significativa entre o cenário base e o cenário sem os dados genéticos reais da população.

O coeficiente de endogamia é calculado no VORTEX a cada ano da simulação e, caso não seja fornecida uma frequência alélica real, o programa determina um alelo único para cada animal da população inicial. Outra característica é que o programa considera que todos os animais que entram não são aparentados entre si e nem com os da população. Esses fatores podem subestimar o cálculo do coeficiente de endogamia. Para essa finalidade, a análise do *pedigree*, mesmo que pouco profundo, pareceu ser mais precisa.

O VORTEX considera a depressão endogâmica unicamente como uma maior mortalidade de animais até 1 ano de idade, sem considerar queda nas taxas reprodutivas e de prolificidade. Isso pode explicar a pouca diferença encontrada entre o cenário base e o cenário sem depressão endogâmica, uma vez que a taxa de mortalidade de leitões informada pelo curador foi baixa, 8% (Tabela 1).

A depressão endogâmica pode não ser detectada em uma população por várias razões, mas nenhuma delas indica que a depressão endogâmica não esteja presente, por exemplo, a falta da depressão endogâmica nos animais jovens não significa que não haja efeito sobre a fecundidade ou sucesso do cruzamento, ou que vários componentes do *fitness* não interagem para reduzir o *fitness* global. Outra implicação é que a depressão endogâmica, em uma população que vive em condições controladas, pode ser mais “suave” do que em populações que vivem em condições mais próximas das naturais (Hedrick & Kalinowski, 2000).

De acordo com a Figura 5, não houve diferença significativa no número médio de alelos entre o cenário base, sem depressão endogâmica e o cenário sem a análise de informações genéticas reais da população. A exceção foi para o cenário sem entrada de animais, cuja população rapidamente entrou em extinção e, portanto, o número médio final de alelos foi 0 (Tabela 9).

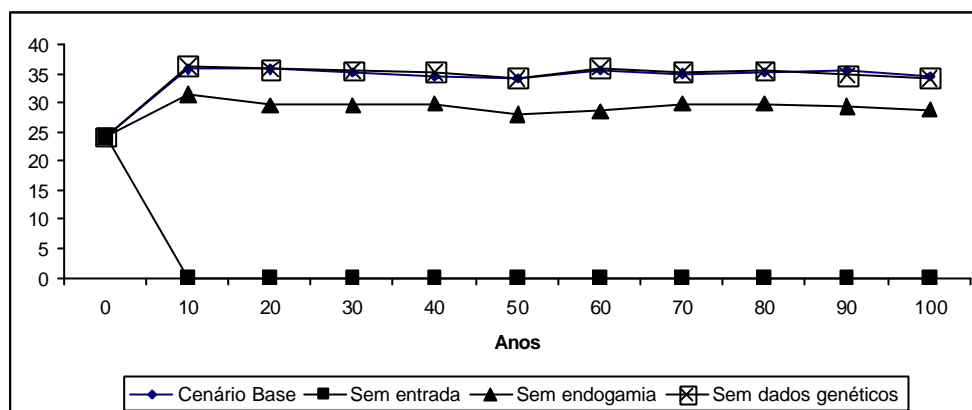


Figura 5. Comparação da evolução do número médio final de alelos em diferentes cenários

O impacto do aumento da probabilidade de reprodução de machos e fêmeas no número médio final de alelos (Figura 6) mostrou que o aumento do número de machos na reprodução teve mais impacto do que o aumento do número de fêmeas. Essa observação pode ser explicada por dois fatores. O primeiro é pela informação fornecida pelo curador do rebanho que informou que 80% das fêmeas e 10% dos machos estavam disponíveis para a reprodução. O segundo é pela forma de cálculo desses parâmetros pelo VORTEX. Em relação ao número de fêmeas, é considerado que cada fêmea em idade reprodutiva tem a probabilidade informada ao programa, no caso 80%, de se reproduzir a cada ano. Em relação ao número de machos, é considerado que somente a porcentagem de animais informada, no caso 10%, tem possibilidade de se tornar um reprodutor. A partir do momento em que o programa “fecha” o pool de reprodutores do ano, todos os selecionados têm igual probabilidade de se reproduzir.

Provavelmente, nenhuma população reproduz ao acaso, e a seleção leva a disparidades entre indivíduos na probabilidade de reprodução e escolha do parceiro e do habitat (Lacy, 1989). De acordo com Caballero e Toro (2000), no manejo genético de pequenas populações, o foco deve ser dado na seleção dos reprodutores e na organização dos cruzamentos.

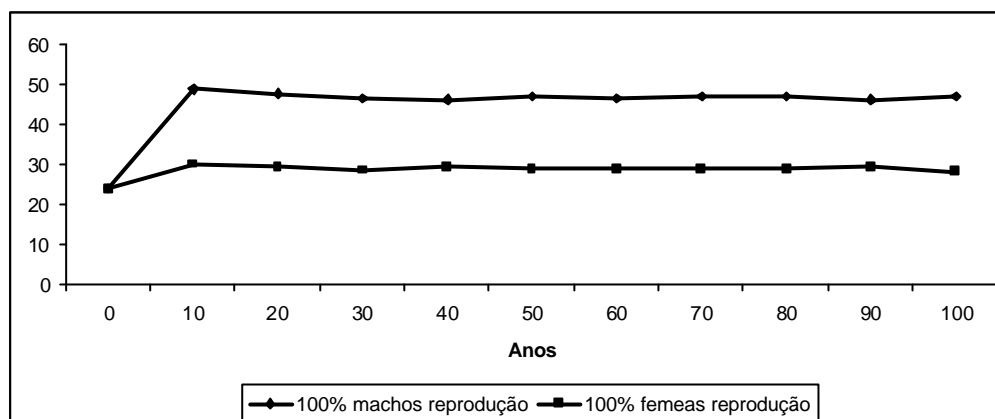


Figura 6. Comparação do número médio final de alelos entre diferentes cenários

A escolha dos alelos durante a transmissão de uma geração para a próxima pode ser separada em dois componentes: o sucesso reprodutivo dos indivíduos e a determinação aleatória de qual dos alelos de cada loco estará presente no gameta que irá gerar a progênie. O sucesso reprodutivo dos indivíduos está, em parte, dentro do controle do criador. Entretanto, a determinação do alelo no gameta não pode ser controlada. (Lacy, 1989).

De acordo com Miller e Lacy (2005), a heterozigosidade esperada da população ao final do período da simulação, nesse caso 84%, é uma métrica útil de decaimento genético para comparação entre os cenários e populações. A partir deste resultado, percebe-se que o valor calculado da heterozigosidade pelo VORTEX, usando os dados de frequência de alelos reais ou não, deve ser analisado considerando apenas a diminuição do valor de 100%. Não sugerimos usar o valor final de H_e para confirmar se a população está ameaçada ou não. A média de heterozigosidade observada relatado por VORTEX é o coeficiente de endogamia médio da população (Miller & Lacy, 2005), neste caso, um valor elevado de consanguinidade 0,85.

Usando marcadores microssatélites de 37 animais da raça Moura, Sollero et al. (2009) encontraram o H_o de 0,60 e o H_e de 0,56. Dentre as raças naturalizadas usadas nesse estudo, Piau e Monteiro, a raça Moura foi a que apresentou maior distinção genética em relação as outras.

A diminuição da heterozigosidade e a perda de alelos estão relacionadas. Entretanto, a presença de alelos raros contribui pouco para a heterozigosidade global da população, e alelos raros são perdidos em populações pequenas mais rápido do que a heterozigosidade. (Lacy, 1989).

Analisando as taxas de mortalidade do cenário base e dos adicionais, Tabela 9, percebe-se que a maior mortalidade de leitões afetou a taxa de crescimento da população, o

intervalo entre as gerações e o número final de animais. Entretanto, esses parâmetros não alteraram a probabilidade de extinção, a heteroziguidade ou o número de alelos. Ainda de acordo com essa Tabela, a mortalidade de leitões foi mais severa para a população do que a mortalidade de adultos e, principalmente, a mortalidade de leitões fêmeas. As diferenças na taxa de crescimento dos cenários de maior mortalidade de leitões estão demonstradas na Figura 7.

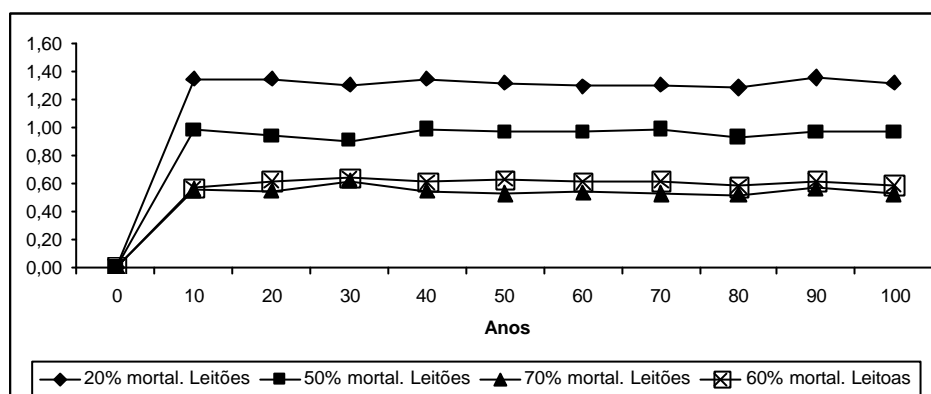


Figura 7. Comparação da taxa de crescimento, $Stoch r$, entre diferentes cenários de mortalidade de leitões.

Dessas observações, percebe-se que o número de leitoas e consequentemente a mortalidade de leitões é importante para a viabilidade da população, mais até do que a mortalidade de adultos. Entretanto, a mortalidade de animais até 1 ano informada pelo curador foi baixa, sinal de que o núcleo de conservação tem conseguido realizar um bom manejo dos filhotes.

A frequência e a severidade da catástrofe informada pelo curador foi considerada “branda”. Para tentar determinar como essa ocorrência afetaria o rebanho, foram criados mais três cenários com esses parâmetros, descritos na Tabela 9. No Cenário Duas catástrofes (Tabela 9), foi acrescentada mais uma catástrofe, mantendo-se a severidade e a frequência informadas pelo curador. Isso reduziu a taxa de crescimento da população e o número final da população, mas não afetou a heteroziguidade e o número de alelos.

Outros cenários alterando, separadamente, a frequência e a severidade da catástrofe afetaram mais a população (Tabela 9). A maior frequência da catástrofe foi mais severa, afetando mais a diversidade genética, conforme demonstrado na Figura 8. Ainda analisando a diversidade genética, percebe-se, pela Figura 9, que a maior frequência de uma catástrofe afetou mais a população do que a menor frequência e severidade de duas catástrofes.

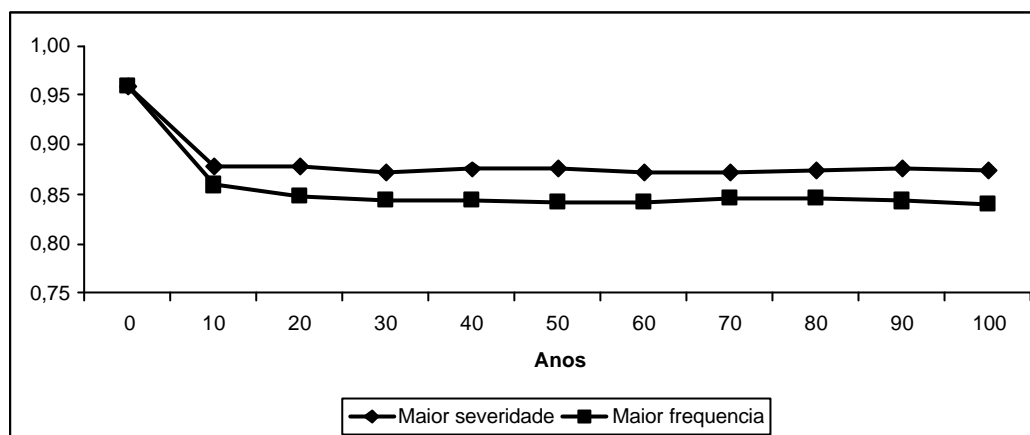


Figura 8. Comparação da evolução da diversidade genética entre diferentes cenários de catástrofes.

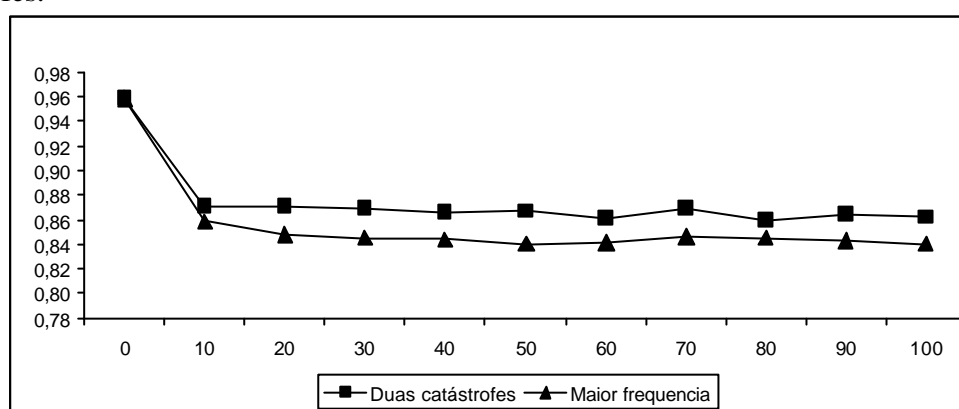


Figura 9. Comparação da evolução da diversidade genética entre diferentes cenários de catástrofes.

Dessa forma, percebe-se que um dos parâmetros chave que deve ser observado no manejo visando a conservação deve ser minimizar ao máximo as consequências das catástrofes frequentes, mais do que das catástrofes pontuais de severidade mais elevada.

Quando a viabilidade da população foi testada para um período de 500 anos, percebe-se (Tabela 9) que a probabilidade de extinção foi pequena (3%), mas a população chegou ao final desse período seriamente comprometida, quando analisados o número final de alelos e a heterozigosidade. Os demais parâmetros não foram afetados nesse cenário. A Figura 9 demonstra a evolução da diversidade genética e do coeficiente de endogamia nesse período e, percebe-se, que nos primeiros 100 anos da simulação esses parâmetros se mantêm relativamente estáveis. A partir do ano 100, esses índices são seriamente afetados. Esse resultado demonstra a capacidade de adaptação dos animais aos efeitos negativos do pequeno tamanho populacional por um período, mas que a partir de certo momento, esse “controle” não é mais possível e a população fica seriamente comprometida.

As espécies não entram em extinção imediatamente após a diminuição do habitat, mudanças climáticas além do limite de tolerância dos animais ou introdução de espécies exóticas. A extinção pode ocorrer várias gerações após o impacto inicial na população (Rangel, 2012). Esse período inicial, até a efetiva extinção, cria uma janela de oportunidade para a conservação, na qual ainda é possível assegurar a viabilidade da população (Wearn et al., 2012).

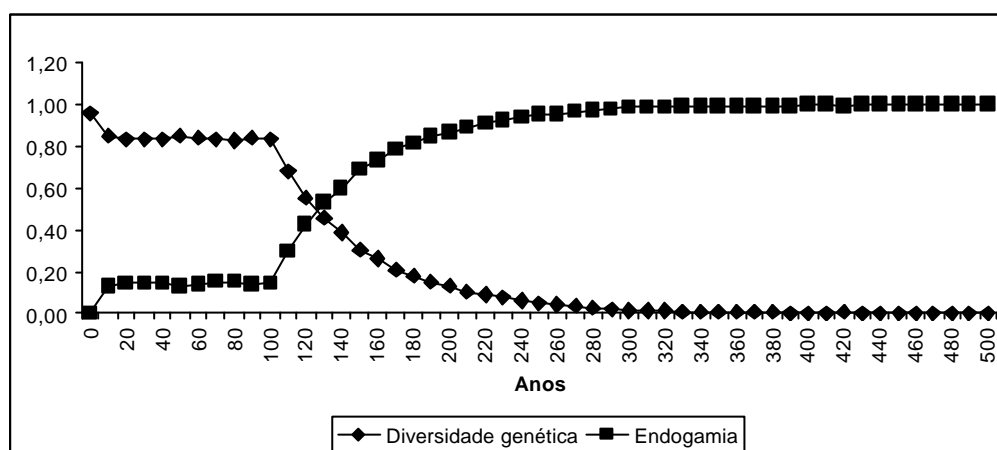


Figura 10. Comparação da evolução da diversidade genética e da endogamia no cenário de 500 anos.

Realizar as simulações por um período de tempo mais curto pode não ser suficiente para prever qual seria a estratégia de conservação que garanta a persistência da população. Uma população pode parecer viável quando a simulação considera 100 anos, mas o risco de extinção pode aumentar consideravelmente se considerado um período maior (Nilson, 2003), como observado na Figura 10. Ainda de acordo com esse autor, é aconselhável fazer as simulações por um período de tempo longo (mais de 100 anos) ou realizar simulações, para dois períodos distintos. Isso seria importante para verificar se os resultados encontrados na simulação de curto prazo se mantiveram na de longo prazo.

O número efetivo de fundadores e ancestrais obtidos com o ENDOG foi de 14 animais (Tabelas 3 e 4). Entretanto, a população desse rebanho foi iniciada com 12 animais, conforme informado pelo curador. Essa diferença pode ser atribuída a erros de registro no *pedigree*. Para integrar os resultados obtidos na análise de *pedigree* na análise de viabilidade populacional, optou-se por testar os cinco animais que explicam a contribuição de 50% dos ancestrais. O resultado desse cenário está na Tabela 9 e, percebe-se, que não houve diferença em relação ao cenário base, com população inicial de 12 animais.

Diante dos resultados dos cenários listados na Tabela 9, percebe-se que os parâmetros que sustentam a viabilidade populacional são a alta prolificidade da raça e a entrada de novos animais. O número de animais adicionados ao rebanho a cada ano, informado pelo curador, foi considerado alto. Avaliando o número de nascimentos a cada ano adicionados à entrada de animais e subtraindo os animais retirados da população, intencionalmente ou pela mortalidade, percebe-se um importante incremento de animais a cada ano na população. De maneira a testar a importância desses parâmetros, e criar um déficit negativo na população, foram criados sete cenários alterando somente esses fatores: prolificidade e fecundidade; entrada de animais; saída de animais da população.

Nos cenários “ninhada menor”, “mais animais saindo” e “Máximo um parto por ano” os valores de número máximo da ninhada, número de saída de animais e número de partos ao ano, foram alterados. O cenário que mais impactou a população foi o de um parto ao máximo por ano, mas mesmo nessa situação, os demais parâmetros da Tabela 9 não foram afetados, em relação ao cenário base.

Os demais cenários, nos quais houve uma diminuição na entrada de animais causaram a extinção da população em todas as simulações (Tabela 9). Percebe-se, portanto, que manter a entrada de animais na população é fundamental para a persistência dessa. Esse resultado foi semelhante ao encontrado por Fimland (2007) que observou que a maneira mais efetiva de manter a variabilidade genética é a imigração de indivíduos, isto é, alelos, de populações variadas. Hamann e Distl (2008) perceberam que 19 imigrantes por geração foram suficiente para manter os níveis de endogamia dentro do aceitável.

Para efeitos de cálculo demográfico, os imigrantes são tidos como não aparentados e equivalentes com a população, isto é, têm a mesma probabilidade de reprodução e de sobrevivência dos animais residentes (Mills & Allendorf, 1996). Ainda de acordo com esses autores, isso é improvável e as características são tão importantes quanto o número dos imigrantes. O comportamento, a competição e a estrutura social, são parâmetros que afetam a probabilidade de sobrevivência e reprodução dos imigrantes. Talvez o número real de animais necessários que devem ser adicionados ao rebanho, seja um pouco maior do que o calculado, levando em consideração as características mencionadas (Mills & Allendorf, 1996).

A análise da viabilidade populacional pode auxiliar a evitar a subjetividade presente nas previsões usadas no manejo populacional (Possingham et al., 1993). Vários benefícios podem ser obtidos através do processo de PVA, mesmo que as previsões quantitativas não sejam adequadamente acuradas. Outra vantagem é que o processo de

conservação pode ser adaptativo, isto é, as projeções da PVA podem ser atualizadas à medida em que mais informações sobre as espécies são acumuladas, e práticas de manejo podem ser moduladas ou testadas com o uso das previsões da PVA (Frankham et al., 2004).

A configuração futura dos recursos genéticos animais e dos programas de reprodução são dependentes do conhecimento para guiar as decisões estratégicas sobre os métodos de conservação de forma a obter vantagem das novas tecnologias que podem beneficiar os programas de conservação dos recursos genéticos (Mariane et al., 2009). A PVA é uma ferramenta cujo maior valor, muitas vezes, é o uso como instrumento para ajudar no planejamento da recuperação de espécies ameaçadas, para permitir a adaptação do manejo, para determinar os pontos fracos e comparar opções de recuperação, ao invés de fornecer previsões acuradas do risco de extinção. (Frankham et al., 2004). Entretanto, de acordo com Brook et al. (2000), as previsões de uma PVA podem ser bastante acuradas, caso se utilizem dados adequados, e podem ser muito úteis nos programas de conservação nos quais são realizadas.

De acordo com Desalle e Amato (2004), uma das mais importantes utilizações da PVA é a possibilidade de criação de cenários mais acurados dos processos e padrões das espécies ameaçadas. Adicionalmente, a análise do *pedigree* pode ser importante no estudo da história das populações ameaçadas (Desalle & Amato, 2004). A conservação dos recursos genéticos deve considerar a análise das consequências futuras, novas ferramentas tecnológicas e deve ser conduzida de tal forma que a variabilidade genética entre as raças seja mantida (Fimland, 2007).

Quando uma população animal é reduzida em número, suas taxas demográficas (reprodução e mortalidade) passam a ser afetadas por variação estocástica (aleatória). A consequência é a flutuação aleatória do tamanho populacional que poderá levá-la a extinção devido à sua vulnerabilidade, à deriva genética e à resultante variação aleatória, demografia e ambiente. Assim, em programas de conservação de raças domésticas que apresentam rebanhos pequenos, é importante que se avalie o risco da população remanescente ser levada à extinção e quais as atividades de manejo devem ser priorizadas para que se reduza este risco (Paiva, 2008).

Um dos objetivos na manutenção da diversidade dos recursos genéticos animais, deve ser evitar a endogamia por meio da manutenção de um número suficiente de raças para manter a diversidade entre raças e permitir a troca de material genético. O que se observa, no entanto, é que o número de raças usadas na produção animal está diminuindo levando ao risco de um colapso genético no futuro. A perda das raças contribuindo para a

produção de alimentos afeta diretamente a segurança alimentar inerente a manutenção da diversidade dos recursos de alimentação (Fimland, 2007).

Os animais domésticos estão perdendo variabilidade genética por meio da intensa seleção para características de produção, sem a preocupação na manutenção da variabilidade genética. Muitas raças comerciais apresentam um baixo tamanho efetivo populacional, apesar do tamanho total da população. Essas raças ainda sofrem com a diminuição da fertilidade. Outro mecanismo de perda de variabilidade genética é por meio da ameaça de extinção das raças naturalizadas, uma vez que a criação dessas tem sido negligenciada pelos criadores e empresas de reprodução (Taberlet et al., 2008). Entra-se, portanto, em um ciclo vicioso, a endogamia das raças locais tende a aumentar, diminuindo a variabilidade genética e as performances produtivas dos animais, o que pode contribuir ainda mais para o abandono dessas raças por parte dos criadores aproximando-as do risco de extinção (Carolino et al., 2004).

De acordo com Taberlet et al. (2008), a intensificação dos sistemas de produção inclui o maior acesso a vacinas e a medicamentos contra doenças endêmicas; maior controle das condições de criação, o que permite o uso de animais de padrão racial mais elevado, mas com menor resistência a doenças. Concomitantemente, o sucesso da indústria da reprodução causou o desinteresse pelas raças locais, por parte dos produtores.

Como o habitat e os recursos financeiros são limitados, é essencial determinar os tamanhos mínimos e as áreas de habitat necessários para manter as populações viáveis a longo prazo. A PVA foi originalmente desenvolvida para determinar o tamanho populacional mínimo viável e a área de habitat do urso-cinzento. O tamanho necessário não é universal e é amplamente aceito que depende dos detalhes da biologia da espécie, do ambiente que ela ocupa e dos tipos de ameaça enfrentados (Frankham et al., 2004).

A variabilidade genética é a base para a seleção natural o que facilita a adaptação da população nos casos de mudanças ambientais e é a base para a seleção artificial em rebanhos comerciais (Oldenbroek, 2007). A grande variedade de raças naturalizadas nas Américas, que são adaptadas às condições ambientais e de criação dessa região, constitui-se em uma fonte de material genético capaz de melhorar a resistência de outras raças e favorecer a adaptação a condições desfavoráveis no ambiente de criação (Notter, 1998).

A preservação das raças naturalizadas tem um lado histórico, uma vez que essas raças representam os animais que auxiliaram na colonização e ocupação do País. De maneira mais ou menos intensa, elas ainda permanecem por meio dos cruzamentos. Esses animais foram capazes, após várias gerações, de sobreviverem e se adaptarem aos desafios do

ambiente no qual viviam, por causa de características únicas e compatíveis com as mais diversas condições climáticas e de criação (Mariante et al., 2009). Analisando as características fenotípicas das raças de suínos naturalizadas brasileiras, McManus et al. (2010), observaram que a “Casco de Burro”, a Moura e a Piau podem ser consideradas como raças de porte grande. De acordo com esses autores, a Moura foi a que pareceu ser mais próxima das raças comerciais. Entretanto, essa proximidade ainda deve ser confirmada por meio da análise genética (McManus et al., 2010).

Não é viável estudo detalhado de todas as espécies e raças, portanto a identificação de populações alvo é crucial, as quais devem ser de espécies bem conhecidas, uma vez que a acurácia da PVA e da análise de *pedigree* é dependente dos dados utilizados. As decisões sobre a conservação dependem de vários fatores, além dos que podem ser determinados pela PVA. Um dos grandes desafios da conservação dos recursos genéticos é otimizar a integração de fatores sociais, culturais e políticos com os resultados obtidos pelos modelos científicos (Desalle & Amato, 2004).

6. Conclusão

O rebanho analisado tem poucos animais e poucos criadores interessados nessa raça, situação comum dentre as espécies de mamíferos usadas na produção animal no Brasil.

No presente estudo foi observado um tamanho efetivo populacional pequeno que poderá acarretar problemas para a população em um futuro próximo, apesar do coeficiente de endogamia ser considerado baixo. Percebeu-se que a manutenção da entrada de animais na população é fundamental para a viabilidade desse núcleo de conservação, bem como a manutenção das taxas de reprodução dos animais.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; GONZÁLES, S.. Population viability analysis of the Uruguayan Creole cattle genetic reserve. **Animal Genetic Resource Information**, v. 38, p. 19-33, 2006.
- BALLOUX , F.; LUGON-MOULIN, N.. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. **Molecular Ecology**, V. 11, P. 155–165, 2002.
- BARRERA, G.P.; MARTINEZ, R.A.; ORTEGÓN, Y.; ORTIZ, A.; MORENO, F.; VELÁSQUEZ, H.; PÉREZ, J.E., ABUABARA, Y.. Cerdos criollos coolombianos, caracterización racial productiva y genética. **Corporación Colombiana de Investigación Agropecuária**, v. 37 p. 37, 2007.
- BOYCE, M.S.. Population Viability Analysis. **Annual Reviews**, v.23, p. 481-506, 1992.
- BROOK, B. W.; O'GRADT, J. J.; CHAPMAN, A. P.; BURGMAN, M. A.; AKÇAKAYA, H. R.; FRANKHAM, R.. Predictive accuracy of population viability analysis in conservation biology. **Nature**, v. 404, p. 385-387, 2000.
- CABALLERO, A.; TORO, M.A.. Interrelations between effective population size and other *pedigree* tools for the management of conserved populations. **Genetic Research**, v. 75, p. 331-343, 2000.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A.P.S.; SILVA, F.F.; TORRES, R. de A.. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2327-2334, 2009.
- CAROLINO, N.; LOPES, S.; GAMA, L.. Consanguinidade e depressão consanguínea num efectivo ovino da raça Churra Badana. **Archivos de Zootecnia**, v. 53, p. 229-232, 2004.
- DESALLE, R.; AMATO, G.. The Expansion of conservation Genetics. **Nature Reviews**, v. 5, p. 702-712, 2004.
- EGITO, A.A.; MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M.. Programa Brasileiro de Conservação de Recursos Genéticos Animais. **Archivos de Zootecnia**, v 51, p. 39-52, 2002.
- FIMLAND, E.. Genetic Diversity and sustainable management of animal genetic resources, globally. **Animal Genetic Resources Information**, v. 41, p. 45-51, 2007.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D.; BRISCOE, D.A.. Genética e extinção. In:_____. **Fundamentos de Genética da Conservação**. 1ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2004. P. 77-101.
- GANDINI, G.; C.; OLLIVIER, L.; DANELL, B.; DISTL, O.; GEORGOUDIS, A.; GROENEVELD, A.; MARTYNIUK, E.; VAN ARENDONK, J.A.M.; WOOLLIAMS,

J.A.. Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. **Livestock Production Science**, v. 91, p. 173-182, 2004.

GURIES, R.P.; LEDIG, F.T.. [1979]. Genetic Structure of Populations and Differentiation in Forest Trees. Presented at the Symposium on Isozymes of North American Forest Trees and Forest Insects, July 27, 1979, Berkeley, Calif. Disponível em: <http://gis.fs.fed.us/psw/publications/documents/psw_gtr048/psw_gtr048_guries.pdf>. Acesso em: 07/09/2012.

GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J. PIEDRAFITA, J.. *Pedigree* analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetic Selection and Evolution**, v. 35, p. 43-63, 2003.

HAMANN, H.; DISTL, O.. Genetic Variability in Hanoverian Warmblood horses using *pedigree* analysis. **Journal of Animal Science**, v. 86, p. 1503-1513, 2008.

HEDRICK, P.W.; KALINOWSKI, S.T.. Inbreeding depression in conservation biology. **Annual Reviews**, v. 31, p. 139-162, 2000.

LACY, R.C.. Analysis of founder representation in *pedigrees*: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111-123, 1989.

LAMBEBERE, W.; H.; S.. Intervalos entre gerações da raça Landrace de *Pedigree* do Brasil. Comunicado Técnico, CT/14/Embrapa-CNPSA, Dezembro/1980, p. 1-2.

LAMBEBERE, W.; H.; S.; COSTA, C.; N.. Intervalo entre gerações de suínos da raça Hampshire do Brasil. Comunicado Técnico, CT/50/Embrapa-CNPSA, Dezembro 1982, p. 1-2

LOPES, P.S. [2004]. Melhoramento Genético de Suínos. Disponível em: <<http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/MELHORAMEN TO%20DE%20SUINOS.pdf>> Acesso em: 15/08/2012.

MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M.; EGITO, A.A.; MCMANUS, C.; LOPES, M.A.; PAIVA, S.R.. Present status of the conservation of livestock genetic resources in Brazil. **Livestock Science**, v. 120, p. 204-212, 2009.

MCMANUS, C.; PAIVA, S.R.; REZENDE, A.V.; MURATA, L.S.; LOUVANDINI, H.; CUBILLOS, G.P.B.; CASTRO, G.; MARTINEZ, R.A.; DELLACASA, M.S.L.; PEREZ, J.E.. Phenotypic Characterization of naturalized swine breeds in Brazil, Uruguai e Colômbia. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 53, p. 583-591, 2010

MILLER, P. S., R. C. LACY. VORTEX. A stochastic simulation of the simulation process. Version 9.50 user's manual. **Conservation Breeding Specialist Group (IUCN/SSC)**. Apple Valley, Minnesota, 2005.

MILLS, L.; S.; ALLENDORF, F.; W.. The one-migrant-per-generation rule in conservation management. **Conservation Biology**, v. 10, p. 1509-1518, 1996.

- NAGYLAKI, T.. Fixation Indices in Subdivided Populations. **Genetics**, v. 148, p. 1325–1332, 1998.
- NILSON, T.. Integrating effects of hunting policy, catastrophic events, and inbreeding depression, in PVA simulation: the Scandinavian wolf population as an example. **Biological Conservation**, n. 115, p. 227-239, 2003.
- NOTTER, D.R.; The U.S. national sheep improvement program: across-flock genetic evaluations and new trait development. **Journal of Animal Science**, v. 76, p. 2324–2330, 1998.
- OLDENBROEK, K. Introduction. In: _____. **Utilisation and conservation of farm animal genetic resources**. 1ed. The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, 2007. p. 13-28.
- PAIVA, S.R. ; **Integração de metodologias de Análise de Viabilidade Populacional (PVA) e marcadores moleculares para conservação de Recursos Genéticos Animais**, Projeto de pesquisa científica, Universal, CNPq. Brasília, 2008.
- POSSINGHAM, H. P., LINDENMAYER, D. B., NORTON, T. W.. A framework for the improved management of threatened species based on Population Viability Analysis (PVA). **Pacific Conservation Biology**, V. 1, p. 39-45, 1993.
- RANGEL, T.F.. Amazonian Extinction Debts. **Science**, v. 337, p. 162-164, 2012.
- SOLLERO, B.P.; PAIVA, S.R.; FARIA, D.A.. Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers. **Livestock Science**, v.13, p.1-8, 2009.
- TABERLET, P., VALENTINI, H.R.; NADERI, S.; POMPANON, F.; NEGRINI, R.. Are Cattle, sheep and goats endangered species? **Molecular Ecology**, v. 17, p. 275-284, 2008.
- TORO, M.A.; RODRIGANEZ, L.S.; RODRIGUEZ, C.. Genealogical analysis of a closed herd of Black Hairless Iberian Pigs. **Conservation Biology**, v. 14, p. 1843-1851, 2000.
- VALERA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J.P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F.. *Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian Strain*. **Livestock Production Science**, V 95, P. 57-66, 2005.
- WEARN, O.R.; REUMAN, D.C.; EWERS, R.M.. Extinction debt and windows of conservation opportunity in the Brazilian Amazon. **Science**, v. 337, p. 228-232, 2012.

CAPÍTULO 4

CONCLUSÕES E CONSIDERAÇÕES FINAIS

O tema da conservação dos recursos genéticos está se tornando cada vez mais importante. Muito se fala da sexta extinção em massa que o planeta irá enfrentar nos próximos anos e que seria, pela primeira vez, uma extinção em massa causada por uma outra espécie nesse caso, *Homo Sapiens*. Muitas controvérsias ainda existem e diferentes pontos de vista são defendidos. Alguns até acalorados, como comparar a extinção das espécies causadas pelo homem com o holocausto ou defender que a humanidade tem a obrigação moral de conservar todas as espécies existentes (Frankham et al., 2004; Blasco, 2008).

O fato é que esse tema é importante e a conservação das espécies/raças de animais de produção, ao invés dos selvagens, aproxima mais o tema do dia a dia das pessoas. A possibilidade de uma crise de alimentos é real e deve ser estudada. Exemplo disso foi uma recente matéria publicada na revista National Geographic (Figura 1) falando sobre esse tema. Essa é uma revista de grande veiculação ou popular, mas é uma revista não científica. A matéria foi escrita para leigos, em uma linguagem acessível, demonstrando que em breve essa discussão poderá sair do ambiente estritamente acadêmico.

Vários paralelos podem ser traçados entre a ameaça de extinção de espécies selvagens e domésticas. O valor da biodiversidade é difícil de mensurar, mas a conservação de espécies selvagens tem maior apelo ao público, apesar de não serem usados como alimento pelas pessoas. Esse paradoxo é crítico, uma vez que devemos garantir a produção de alimentos a partir dos animais domesticados. O fato das espécies domésticas serem numerosas, bem adaptadas globalmente e terem sua reprodução dominada pelo homem, torna difícil explicar porque algumas raças estão ameaçadas e devem ser conservadas (Taberlet et al., 2008). Ainda de acordo com esse autor, apesar das espécies de animais de produção não poderem ser consideradas como ameaçadas, algumas raças estão em vias de extinção, o que pode comprometer a viabilidade de toda a espécie. Em poucos anos poderemos perder os recursos genéticos selecionados pela humanidade nos últimos 10 000 anos (Taberlet et al., 2008).



Figura 1. Recorte da reportagem publicada na revista National Geographic de julho de 2011. Fonte: <http://ngm.nationalgeographic.com/2011/07/food-ark/siebert-text/1>

No Brasil existe um movimento, ainda pequeno, de incentivar o consumo de produtos locais (Figura 2). Esse movimento é bem abrangente, fala de questões comportamentais como o *Slow Food*, mas fala especificamente da valorização da biodiversidade e da conservação de produtos locais. De acordo com o próprio site: “A *Arca do Gosto* é um catálogo mundial que identifica, localiza, descreve e divulga sabores quase esquecidos de produtos ameaçados de extinção, mas ainda vivos, com potenciais produtivos e comerciais reais. O objetivo é documentar produtos gastronômicos especiais, que estão em risco de desaparecer. Desde o início da iniciativa em 1996, mais de 1000 produtos de dezenas de países foram integrados à Arca. Este catálogo constitui um recurso para todos os interessados em recuperar raças autóctones e aprender a verdadeira riqueza de alimentos que a terra oferece” (<http://www.slowfoodbrasil.com/arca-do-gosto>).

Produto	Quantidade
Arroz	2995
Arroz Vermelho	4664
Babaça	4774
Berinjão	2325
Bergamota Nostocograna	5431
Cachaça	2995
Cambuci	2713
Castanha de Baru	4101
Farinha de Batata Doce Krako	4735
Feijão Canajo	3597
Guaraná Natural Sateré-Nasé	3706
Jataí	1259
Licor	1882
Licor	1908
Maracujá da Castiça	1131
Marmelada de Santa Luzia	3773

Figura 2. Produtos brasileiros listados na Arca do Gosto. Fonte: <http://www.slowfoodbrasil.com/arca-do-gosto/produtos-do-brasil>

De acordo com Gandini et al. (2004), a conservação deve, sempre que possível, promover raças “auto-sustentáveis”, isto é, aquelas populações que mantêm vigor e potencial para atingir os objetivos sem grande investimentos de capital. As condições do mercado e sistema de preço podem mudar relativamente rápido, de forma que características com alto valor econômico atualmente, podem não ser valorizadas em um futuro próximo. Entretanto, algumas características como fertilidade, prolificidade, resistência à doenças, serão sempre valorizadas (Ruane et al., 2000).

Essas populações nativas têm um potencial genético bastante valioso para a agricultura sustentável, uma vez que representam a consequência do processo local de adaptação. Ao contrário das raças comerciais, fortemente selecionadas para a produção, as raças locais evoluíram como resultado da seleção natural de séculos, tornando-se uma fonte muito interessante de variabilidade genética (Armstrong et al., 2006).

As espécies não entram em extinção imediatamente após sofrerem algum tipo de ameaça (destruição de habitat, catástrofes, competição com animais exóticos). O tempo entre a ameaça inicial e a efetiva extinção, oferece uma janela de oportunidade para a conservação, durante a qual é possível implementar alternativas para assegurar a sobrevivência das espécies que, de outra forma, estariam fadadas à extinção (Wearn, et al, 2012). Estudos sobre os recursos genéticos atuais e futuros devem ser feitos sistematicamente no Brasil para obter as informações necessárias das mudanças e impactos que os recursos genéticos animais podem sofrer (Mariante et al., 2009).

Apesar da importância do tema e de toda a discussão associada, alguns critérios básicos ainda estão por ser definidos, como, por exemplo, como determinar se uma população está ou não ameaçada. Entretanto, o uso do tamanho efetivo populacional (N_e) para esse fim está bastante disseminado.

No presente estudo, as populações de ovino Bergamácia Brasileira e de suínos Moura tiveram o N_e em torno de 30 animais, pelo período analisado. Considerando somente esse critério, essas duas populações poderiam ser consideradas ameaçadas. De acordo com a International Union for the Conservation of Nature and Natural Resources (IUCN) uma população com um N_e inferior a 50 deve ser classificada como criticamente ameaçada, com menos de 250 está ameaçada e com menos de 1000 está vulnerável. Por outro lado, Frankham et al. (2004) considera que o N_e de no mínimo 50 é importante para evitar os efeitos da depressão endogâmica e de 500 para prevenir a extinção.

Carneiro et al. (2009) encontraram o N_e de 26 indivíduos para a raça Indubrasil no Nordeste e consideraram esse valor de risco. A viabilidade populacional está diretamente relacionada ao N_e . Um N_e menor do que 50 compromete seriamente a sobrevivência de curto prazo da população (Taberlet et al., 2008).

A maior dificuldade encontrada nesse estudo foi conseguir os dados necessários para entrada nos programas VORTEX e ENDOG. O questionário formulado para o preenchimento dos curadores dos rebanhos de conservação foi enviado para pelo menos sete responsáveis, mas somente dois responderam. As informações do *pedigree* também só foram possíveis de ser obtidas de dois núcleos de conservação.

Os registros de *pedigree* são falhos e contém muitos erros de preenchimento, provavelmente pela pouca importância dada a esses registros por bastante tempo, baixa escolaridade dos tratadores e alta rotatividade de funcionários e alunos.

Os programas foram facilmente aplicados, apresentaram alguns erros, mas todos contornáveis. Com essa análise foi possível determinar os pontos críticos da população os quais devem ser cuidadosamente observados dentro do programa de conservação.

Nas duas populações analisadas, a entrada de animais, imigrantes, foi fundamental para a viabilidade da população. Entretanto, na população de ovelhas Bergamácia, a mortalidade de animais, especialmente de fêmeas adultas, também foi considerada essencial para a persistência do núcleo de conservação. Na população dos Suínos Moura, foi encontrada que a prolificidade da raça é fundamental para a viabilidade dessa população. Nos dois casos, percebeu-se que a frequência das catástrofes foi determinante para a sobrevivência dos animais, até mais do que a gravidade desses eventos.

A Análise da Viabilidade Populacional (PVA) tem falhas e sua interpretação deve ser feita com cautela e por pessoa minimamente qualificada. Essa análise é um modelo, uma tentativa de representação da realidade. Sugerimos que as conclusões obtidas nessa análise levem em conta o conhecimento prévio do operador (o responsável pela simulação'), a tendência da população (extinção ou persistência) e os números absolutos sejam utilizados com precaução. Não se deve pegar apenas um resultado, por exemplo, a probabilidade de extinção, para determinar o sucesso ou extinção de uma população.

Os resultados relativos da PVA são mais importantes do que a predição absoluta, uma vez que os modelos de simulação estão sujeitos a incertezas. É importante reconhecer que nenhum modelo é uma perfeita descrição da realidade (McCarthy et al., 2001). O processo de testar a PVA deve objetivar a identificação de suas fraquezas de forma que possa ser modificada e a predição melhor. Os testes podem ser usados para identificar os limites da acurácia e determinar as circunstâncias nas quais as predições não são úteis como ferramentas de conservação (McCarthy et al., 2001).

Seria um erro assumir que qualquer modelo de PVA contempla tudo de interesse para uma determinada população. Uma simulação de PVA somente inclui aqueles processos que são conhecidos pelo programador. Algumas variáveis que afetam a dinâmica das populações podem não ser levadas em conta nos modelos de PVA (Miller & Lacy, 2005). Com frequência o maior valor de uma PVA é o seu uso como uma ferramenta para ajudar no planejamento da recuperação de espécies ameaçadas, para permitir a adaptação do manejo, determinar os pontos fracos e comparar opções de recuperação, ao invés de fornecer previsões acuradas do risco de extinção (Miller & Lacy, 2005).

Percebemos que a análise conjunta da PVA e da análise de *pedigree* enriqueceu o estudo e foi possível extrair o melhor de cada uma das metodologias. Sem dúvida, a análise genealógica é mais precisa para informações como coeficiente de endogamia, intervalo entre gerações e variabilidade genética. Entretanto, na impossibilidade de uso conjunto dessas ferramentas, é possível o uso separado, mas sempre tendo consciência das limitações de cada uma delas.

A informação de *pedigree* é amplamente usada para determinar a variabilidade genética dos animais de produção, sendo o ENDOG um programa de fácil acesso e utilização. Os parâmetros relacionados à origem do gene são menos sensíveis para descrever a variabilidade genética da população, na presença de um *pedigree* incompleto ou pouco profundo (Faria et al., 2009). A estimativa da diversidade genética e do coeficiente de

endogamia pode ser subestimado pelo VORTEX, uma vez que esse programa assume que os fundadores e os animais que entram não são relacionados (Lacy, 1993; Thirstrup et al., 2009).

O VORTEX foi desenvolvido para o uso em animais selvagens. A maioria dos trabalhos publicados é com esses animais, mas há casos do uso dessa ferramenta em animais domésticos. Acreditamos que isso é uma tendência irreversível, mesmo porque as informações demográficas e genéticas dos animais domésticos são mais disponíveis e mais fáceis de ser obtidas, seja mensurando diretamente na população ou obtendo em associação de criadores. Para o melhor uso em animais domésticos, o programa deveria ser modificado. Por exemplo, deveria considerar a possibilidade de somente um ou poucos machos se reproduzirem a cada ano, como muitas vezes acontece em propriedades manejadas. Mas da forma como está, pode ser usado, desde que se tenha o conhecimento das limitações e prudência na interpretação dos resultados.

O ENDOG foi desenvolvido para a análise de *pedigree* em animais domésticos e tem sido usado em diferentes espécies desde então, suínos, bovinos, equinos. Percebe-se claramente que o estudo com suínos, rotineiramente, utiliza menos animais do que de ovinos, por exemplo. Essas diferenças estão resumidas na Tabela 1.

Tabela 1. Resumo de estudos utilizando ENDOG em suínos e ovinos

Ovinos		
Total de Animais	Raça	Autor
1851 animais	Xalda	Álvarez et al., 2008
1089	Somali	Paiva et al., 2011
1506	Tsigai e Zackel	Kusza et al., 2008
238	várias raças	Álvarez et al., 2004
Suínos		
182	várias raças	Sollero et al., 2009
173	várias raças	Fabuel et al., 2004
859	várias raças	McManus et al., 2010

Piyasatian e Kinghorn (2003) buscaram um método de balancear a diversidade genética, mérito genético e viabilidade de população no estabelecimento de programas de conservação de raças domésticas. Os autores identificaram que a maior ênfase na diversidade genética levou à preservação de raças dentro da população conservada. Em contraste, maior

ênfase na viabilidade da população pode levar à racionalização dos recursos genéticos através de cruzamentos de raças aparentadas, especialmente quando restam poucos indivíduos de um ou ambos os sexos.

As atividades de conservação têm uma série de objetivos os quais podem mudar ao longo do tempo com as condições da população, da mais básica de evitar a extinção e manter a diversidade genética ou o valor cultural da raça a assegurar condições para sua evolução (Gandini et al., 2004).

Atualmente, a raça é tida como a unidade de conservação. Entretanto, as raças também são entidades sociais com um papel de identidade nacional ou regional, o que permite uma percepção subjetiva da singularidade desta. A singularidade de uma raça também não é percebida facilmente por meio de informações moleculares, isto é, a maior parte da variabilidade genética está presente dentro de uma raça e não entre as raças (Groeneveld et al., 2010).

É importante reconhecer que as decisões de conservação dependem de vários fatores que vão além do argumento científico. Portanto, um dos maiores desafios da conservação moderna é incluir a informação genética dentro do contexto das complexidades social, cultural e política das decisões de conservação (DeSalle e Amato, 2004).

Em geral, as análises de viabilidade populacional e de *pedigree* são realizadas e analisadas separadamente. Nesse estudo, a opção foi organizar a apresentação dos resultados pela população e não pela metodologia empregada. Por isso a divisão da tese em somente dois capítulos. Acreditamos que a união desses programas aumentou a utilidade das ferramentas utilizadas.

As populações estudadas parecem estar em risco de extinção, mas não um risco imediato. Os resultados indicam que ainda há tempo de garantir a perpetuação dessas populações e dessas raças no País. Essas análises devem ser repetidas com frequência para estabelecer um monitoramento desses animais. Entretanto, novos estudos devem ser realizados para determinar a real necessidade de conservação desses animais, como a viabilidade econômica dessas raças e a importância, seja social ou cultural, dessa conservação. Essas populações podem, inclusive, ser usadas em estudos de epigenética. Caso não seja determinada a importância, talvez seja aconselhável a conservação *ex situ* e o cruzamento dos animais remanescentes com outras raças.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; GONZÁLES, S.. Population viability analysis of the Uruguayan Creole cattle genetic reserve. **Animal Genetic Resource Information**, v. 38, p. 19-33, 2006.
- BLASCO, A.. Breeds in danger of extinction and biodiversity. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 37, p. 101-109, 2008.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; MARTINS FILHO, R.; CARNEIRO, A.P.S.; SILVA, F.F.; TORRES, R. de A.. A raça Indubrasil no Nordeste brasileiro: melhoramento e estrutura populacional. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.2327-2334, 2009.
- DESALLE, R.; AMATO, G.. The Expansion of conservation Genetics. **Nature Reviews**, v. 5, p. 702-712, 2004.
- FARIA, F.J.C.; FILHO, A.E.V.; MADALENA, F.E.; JOSAHKIAN, LA.. *Pedigree* analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 125, p. 148-153, 2009.
- FRANKHAM, R.; BALLOU, J.D.; BRISCOE, D.A. Genética e extinção. In:_____. **Fundamentos de Genética da Conservação**. 1ed. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2004. P. 77-101.
- GANDINI, G.; C.; OLLIVIER, L.; DANELL, B.; DISTL, O.; GEORGOUDIS, A.; GROENEVELD, A.; MARTYNIUK, E.; VAN ARENDONK, J.A.M.; WOOLLIAMS, J.A.. Criteria to asses the degree of endangerment of livestock breeds in Europe. **Livestock Production Science**, v. 91, p. 173-182, 2004.
- GROENEVELD, L.F.; LENSTRA, J.A.; EDING, H.; TORO, M.A.; SCHERF, B.; PILLING, D.; NEGRINI, R.; FINLAY, E.K.; JIANLIN, H.; GLOBALDIV CONSORTIUM, Genetic diversity in farm animals – a review. **International Society for Animal Genetics, Animal Genetics**, v. 41, p. 6-31, 2010.
- LACY, R.C.. VORTEX: A computer simulation model for population viability analysis. **Wildlife Research**, v. 20, p. 45-65,1993.
- MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M.; EGITO, A.A.; MCMANUS, C.; LOPES, M.A.; PAIVA, S.R.. Present status of the conservation of livestock genetic resources in Brazil. **Livestock Science**, v. 120, p. 204-212, 2009.
- MCMARTHY, M.A.; POSSINGHAM, H.P.; DAY, J.R.; TYRE, A.J.. Testing Accuracy of population viability analysis. **Conservation Biology**, v. 15, p. 1030-1038, 2001.
- MILLER, P. S., R. C. LACY. VORTEX. A stochastic simulation of the simulation process. Version 9.50 user's manual. **Conservation Breeding Specialist Group (IUCN/SSC)**. Apple Valley, Minnesota, 2005.

- PIYASATIAN, N.; KINGHORN, B.P.. Balancing genetic diversity, genetic merit and population viability in conservation programmes. **Journal of Animal Breeding and genetics**, v. 120, p. 137-149, 2003.
- RUANE, J.; A framework for prioritizing domestic animal breeds for conservation purposes at the national level: a Norwegian case study. **Conservation Biology**, v. 14, n. 5, p. 1385-1393, 2000.
- TABERLET, P., VALENTINI, H.R.; NADERI, S.; POMPANON, F.; NEGRINI, R.. Are Cattle, sheep and goats endangered species? **Molecular Ecology**, v. 17, p. 275-284, 2008.
- THIRSTRUP, J.P.; BACH, L.A.; LOESCHCKE, V.; PERTOLDI, C.. Population Viability analysis on domestic horse breeds (*Equus caballus*). **Journal of Animal Science**, v. 87, p. 3525-3535, 2009.
- WEARN, O.R.; REUMAN, D.C.; EWERS, R.M.. Extinction debt and windows of conservation opportunity in the Brazilian Amazon. **Science**, v. 337, p. 228-232, 2012.