

UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS
Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel
Programa de Pós-Graduação em Zootecnia



Dissertação

Endogamia e caracterização da estrutura populacional da raça bovina
Shorthorn e ovina Romney Marsh

Eng^o Agr^o Jean Pierre Martins Machado

Pelotas, 2019

Engº Agrº Jean Pierre Martins Machado

**Endogamia e caracterização da estrutura populacional da raça bovina
Shorthorn e ovina Romney Marsh**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Zootecnia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências, área de concentração Produção Animal.

Orientador: Dr. Otoniel Geter Lauz Ferreira

Pelotas, 2019

Universidade Federal de Pelotas / Sistema de Bibliotecas
Catalogação na Publicação

M149e Machado, Jean Pierre Martins

Endogamia e caracterização da estrutura populacional da raça bovina Shorthorn e ovina Romney Marsh / Jean Pierre Martins Machado ; Otoniel Geter Lauz Ferreira, orientador. — Pelotas, 2019.

169 f. : il.

Dissertação (Mestrado) — Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, 2019.

1. Consanguinidade. 2. Pedigree. 3. Preservação genética. I. Ferreira, Otoniel Geter Lauz, orient. II. Título.

CDD : 636.082

Elaborada por Gabriela Machado Lopes CRB: 10/1842

Engº Agrº Jean Pierre Martins Machado

Endogamia e caracterização da estrutura populacional da raça bovina
Shorthorn e ovina Romney Marsh

Dissertação aprovada, como requisito parcial, para obtenção do grau de Mestre em Ciências, área de concentração produção animal, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas.

Data da Defesa: 24 de julho de 2019

Banca examinadora:

Prof. Dr. Otoniel Geter Lauz Ferreira (Orientador)
Doutor em Zootecnia pela Universidade Federal de Pelotas.

Prof.Dr. Eduardo Brum Schwengber
Doutor em Ciências Biológicas pela Universidade de São Paulo.

Prof. Dr. Marcelo Alves Pimentel
Doutor em Zootecnia pela Universidade Universidade Federal de Pelotas

Prof. Dr. Nelson José Laurino Dionello
Doutor em Biotecnologia Agrícola pela Universidade Federal de Pelotas

Dedico à minha filha Ana Luisa.

Filha que você tenha o prazer em
procurar e conhecer novos horizontes.
Desvendar este mundo de oportunidades
e conhecimentos que a nós está
disponível.

Agradecimentos

A minha esposa e amiga, Dra. Tatiana G. Martins Machado, por sua paciência, incentivo e coragem. Por estar ao meu lado em momentos difíceis e não deixar morrer dentro de mim a vontade de desvendar o desconhecido e manter vivo os sonhos desta existência. De certa maneira tu foste uma inspiração.

Obrigado meu amor.

A minha filha, Ana Luisa, por tornar este mundo mais colorido, e por ser uma forte razão para seguir adiante nesta existência.

Obrigado minha amada! Papai te ama!

Ao mestre e amigo Dr. Ricardo Cardellino por acreditar em mim quando poucos o faziam, por sua paciência e todo incentivo que tive de ti. Pelos almoços e bate papos “dopo pranzo” na Vialle dele Terme di Caracalla. Grazie mille per quella telefonata nel gennaio 2002, non dimenticheró mai!

Gracias maestro

Ao mestre e amigo Dr. Marcelo Pimentel (Chefe), por todo apoio na graduação, por sempre ser um incentivador de minha atividade na pecuária com a aquisição dos primeiros Shorthorns e pela Pampa G238.

Obrigado Chefe!

Ao meu orientador e amigo pessoal, Dr. Otoniel G.L. Ferreira, por fazer com que esta etapa de minha vida finalmente tivesse um término ao me

convidar e acreditar que eu seria capaz de finalizar esta etapa e, pela liberdade em aceitar um tema novo para ti. Valeu Orientador!!!

Ao amigo Dr. Cássio Brauner, pelo incentivo sempre dispensado. Nunca escutei de ti uma única vez qualquer palavra que pudesse colocar em dúvida este momento, isso foi determinante. Tiveste importante papel nesta etapa.

Obrigado!

Aos integrantes da banca por aceitar o convite para participar da mesma, Zootecnista Dr. Eduardo Brum Schwengber, Médico Veterinário Dr. Marcelo Alves Pimentel e Engenheiro Agrônomo Dr. Nelson Jose Laurino Dionello.

À ANC Herd Book Collares e a A.R.C.O. por prover os dados para as análises.

Ao Engenheiro Zootécnico PhD Nuno Carolino, pesquisador do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos Polo de Investigação da Fonte Boa. Vale de Santarém. Portugal, por seu auxílio no preparo dos dados demográficos usados neste estudo.

Agradeço a mim, por não esmorecer nas tantas vezes que obstáculos surgiram e finalmente terminar esta dissertação, que era uma dívida pessoal comigo mesmo.

Quem lê comanda, quem não lê é comandado.

A extinção é para sempre.

RESUMO

MACHADO, Jean Pierre Martins. **Endogamia e caracterização da estrutura populacional da raça bovina Shorthorn e ovina Romney Marsh**. 2019. 169 f. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.

Todos os animais dentro de uma raça estão relacionados e todo criador de raça pura pratica algum grau de endogamia. Sendo assim, o objetivo deste estudo foi investigar a estrutura e a diversidade genética dos rebanhos bovino da raça Shorthorn e ovino da raça Romney Marsh brasileiros por meio da análise de pedigree. Para o estudo da raça bovina Shorthorn foram utilizados os dados dos arquivos genealógicos mantidos pela Associação Brasileira de Criadores Herd Book Collares - ANC Herd Book Collares, enquanto os dados da raça ovina Romney Marsh foram obtidos junto a Associação Brasileira de Criadores de Ovinos - ARCO. Foram utilizadas informações de bovinos nascidos entre os anos de 1906 e 2018, totalizando 29.723 registros, e ovinos nascidos entre 1980 e 2018, totalizando 17.053 registros. A consanguinidade média do rebanho bovino Shorthorn nascido nos 112 anos de intervalo de registro foi de 1,91%, e a consanguinidade média da população ovina no período de 38 anos foi de 3,55%. A endogamia média dos bovinos e ovinos consanguíneos foi de 9,08% e 10,31% respectivamente. A população Shorthorn endogâmica no Brasil é de 18,34%, e a população Romney Marsh endogâmica é de 34,48%. Os parâmetros demográficos aumento de consanguinidade por geração máxima, completa e equivalente para a raça Shorthorn foram 0,16%, 1,91% e 2,60% respectivamente. Os mesmos parâmetros para a raça Romney Marsh foram respectivamente 1,02%, 1,50% e 2,23%. O número de ancestrais que explica 50% da variabilidade genética na população Shorthorn foi de 121, e na Romney Marsh foi de 16. O intervalo médio de gerações encontrado no presente estudo para a população Shorthorn foi 6,14 anos, e para a população Romney Marsh foi de 4,04 anos. Os níveis de endogamia estão baixos na raça Shorthorn não apresentando preocupação, enquanto na população Romney Marsh podem ser considerados medianos. Gargalos genéticos estão presentes em ambos pedigrees, indicando perda de diversidade genética nas raças. A diminuição drástica no número de criadores de Shorthorn pode ser preocupante. O Romney Marsh tem seu principal problema na falta de material genético para ser usado em refrescamento de sangue. É recomendável que os selecionadores brasileiros de ambas as raças utilizem reprodutores de maior variedade para manutenção da sanidade genética de ambas as raças.

Palavras-chave: consanguinidade, pedigree, preservação genética

Abstract

MACHADO, Jean Pierre Martins. Inbreeding and characterization of the population structure of the Shorthorn cattle and Romney Marsh sheep breeds. 2019. XXX f. Dissertation (Master Science degree on Animal Production) - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2019.

The present study is the result of the necessity to characterize the genetic structure through the study of the pedigrees of two farm animal species raised in the Rio Grande do Sul state. Data used for the study of the Shorthorn cattle breed were provided by the Associação Brasileira de Criadores Herd Book Collares and data from the Romney Marsh breed were provided by Associação Brasileira de Criadores de Ovinos. Complete data from cattle born between 1906 and 2018 were used, with a total of 29,723 records, and sheep born between 1980 and 2018, with a total of 17,053 records. For inbreeding analyses SAS software was performed, for additional demographic parameters analyses was performed with ENDOG software. Pedigree knowledge of Shorthorn cattle show enough completeness for a robust analysis. The mean inbreeding coefficient of the bovine population born within the 112-year recording interval was 1.91%, and the mean inbreeding coefficient of the sheep population over the 38-year period was 3.55%. The mean inbreeding coefficient of the cattle and sheep inbred animals was 9.08% and 10.31%, respectively. The inbred Shorthorn population in Brazil is 18.34%, and the inbred Romney Marsh population is 34.48%. The parameters of increases inbreeding rate by maximum, complete and equivalent generation for the Shorthorn breed were 0.16%, 1.91% and 2.60%, respectively. The same parameters for the Romney Marsh breed were respectively 1,02%, 1,50% and 2,23%. The number of ancestors explaining 50% of the gene pool in the Shorthorn population was 121, and Romney Marsh was 16. The average interval of generations found in the present study for the Shorthorn population was 6.14 years, and for the Romney population Marsh was 4.04 years. Levels of inbreeding are low in the Shorthorn breed not representing a major concern, and intermediate levels within the Romney Marsh population. Genetic bottlenecks are present in the pedigrees indicating loss of genetic diversity in both breeds. The drastic decrease in the number of Shorthorn breeders is worrisome. Romney Marsh show his main

problem in the lack of genetic material to be used for genetic outcross. It is recommended that Brazilian breeders of both breeds use sires of wide genetic variety to maintain the genetic health of both breeds.

Keywords: inbreeding, pedigree, genetic conservation.

Lista de Figuras

- Figura 1 Número de registros efetuados por década no Herd Book Collares para a raça Shorthorn.
- Figura 2 Consanguinidade acumulada nos animais registrados Puros de Origem, desde a abertura do registro
- Figura 3 Número de registros efetuados por década no Herd Book Collares para a raça Shorthorn, em relação à porcentagem de animais com alguma consanguinidade.
- Figura 4 Coeficientes de consanguinidade comparativo entre a média da população Romney Marsh referência e a média de consanguinidade entre os animais endogamicos, agrupados por quadriênios.
- Figura 5 Registros Romney Marsh e quantidade de animais consanguíneos no mesmo espaço temporal.
- Figura 6 Registros anuais e quantidade de animais consanguíneos no período dos últimos 8 anos.
- Figura 7 Consanguinidade média anual na população referência e nos animais endogamicos no último período de 8 anos.
- Figura 8 Porcentagem de coeficientes de consanguinidade encontrados na população referência, agrupados por faixa de valor.

Lista de Tabelas

- Tabela 1 Frequência de consanguinidades encontradas na população referência principal da raça Shorthorn PO no Brasil.
- Tabela 2 Número de registros, consanguinidade na população de referência principal e animais consanguíneos por década e acumulados na raça Shorthorn.
- Tabela 3. Consanguinidade na raça Shorthorn por década, demonstrando o número de animais consanguíneos em cada década de estudo.
- Tabela 4 Consanguinidade observada nos últimos cinco anos na população referência principal da raça Shorthorn no Brasil.
- Tabela 5 Frequência de touros com maior número de crias na raça Shorthorn.
- Tabela 6 Número de crias registradas por cada vaca no Herd Book brasileiro.
- Tabela 7 Vacas com mais crias em registro no Herd Book brasileiro.
- Tabela 8 Origem genética dos touros usados em inseminação artificial na raça Shorthorn.
- Tabela 9 Parâmetros genealógicos na população da raça Shorthorn registrada na ANC Herd Book Collares e de seus ascendentes.
- Tabela 10 Frequências de acasalamentos consanguíneos diretos.
- Tabela 11 Intervalo entre gerações para bovinos Shorthorn.
- Tabela 12 Idade média dos pais ao nascer a progênie para bovinos Shorthorn.
- Tabela 13 Parâmetros genealógicos obtidos na população da raça Romney Marsh registrada na ARCO e de seus ascendentes.
- Tabela 14 Frequências de acasalamentos consanguíneos diretos.
- Tabela 15 Intervalo entre gerações para ovinos Romney Marsh.

- Tabela 16 Idade média dos pais ao nascer a progênie para ovinos Romney Marsh.
- Tabela 17 Carneiros com maior número de crias registradas na população de referência.
- Tabela 18 Frequência de crias entre ventres Romney Marsh
- Tabela 19 Ventres com maior número de partos gemelares.
- Tabela 20 Fêmeas da raça Romney Marsh com partos triplos.
- Tabela 21 Sumario dos parâmetros populacionais e consanguinidade reportados em diferentes raças.
- Tabela 22 Sumario dos parâmetros populacionais, média de parentesco, aumento de consanguinidade reportados em diferentes raças.
- Tabela 23 Sumario dos parâmetros populacionais, tamanho efetivo da população, fundadores e ancestrais, ancestrais que respondem por 50% da população reportados em diferentes raças.
- Tabela 24 Acasalamentos estreitos e número de animais (N) para a população total de bovinos da raça Shorthorn.
- Tabela 25 Intervalo de geração e número de observações (N) da população referência para bovinos Shorthorn.
- Tabela 26 Idade média dos pais ao nascer a progênie para bovinos Shorthorn
- Tabela 27 Revisão de autores para população e população referência.
- Tabela 28 Revisão literária de parâmetros de consanguinidade.
- Tabela 29 Revisão de vários autores no que refere à parâmetros da população Romney Marsh.
- Tabela 30 Quantidade de fundadores e ancestrais efetivos na população Romney Marsh.
- Tabela 31 Intervalo entre gerações para a raça Romney Marsh comparativo com autores revisados.

Lista de Abreviaturas e Siglas

IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
FAO	Orgão das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação
ANC	Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares
A.R.C.O.	Associação Brasileira de Criadores de Ovinos
RBST	Rare Breeds Survival Trust (UK)
BSCS	Beef Shorthorn Cattle Society (UK)
ASA	American Shorthorn Association (USA)
SCSU	Sociedad de Criadores de Shorthorn del Uruguay
NSA	National Sheep Association (UK)
AR	Appendix Registry (ASA-USA)
*	Appendix Register (ASA-USA)
DR	Durham Red (ASA-USA)
PO	Puro de Origem
HBB	Herd Book Brasil – Número de registro bovino
FBB	Flock Book Brasil – Número de registro ovino
SRG	Serviço registro genealógico
HBI	Herd Book Inglês
MOET	Multiple ovulation for embryo transfer - Superovulação para transferência de embriões.
SNP	Single nucleotide polymorphism – Polimorfismo de nucleotídeo único.
DS	Digital Subluxation – doença genética não letal
TH	Tibial Hemimelia – doença genética letal
PHA	Pulmonar Hypoplasia – doença genética letal
n.	Nascimento
m.	Morte

$F(x)$ ou (F_i)	Coeficiente de consanguinidade
L	Intervalo de gerações
n_i	Número de gerações conhecidas
F_i	Consanguinidade individual
$\Delta F/\text{ano}$	Acréscimo da consanguinidade por ano
$\Delta F/\text{geração}$	Acréscimo da consanguinidade por geração
N_e	Tamanho efetivo da população
AR	Parentesco médio
q_k	Contribuições genéticas de fundadores
p_k	Contribuições genéticas de ascendentes
f_e	Número efetivo de fundadores
f_a	Número efetivo de ascendentes
A	Animal aspado
M	Animal mocho
*	Animal mocho com um dos antepassados aspados
D	Animal descornado ou mochado
IA	Inseminação artificial
MN	Monta natural
SHO	Shorthorn
LR/ LIR	Lincoln Red
MA	Maine Anjou
N°	Número de animais
AA	Raça bovina Aberden Angus
AFRIK	Raça bovina Afrikaner
ALEN	Raça bovina Alentejano
AYR	Raça bovina Ayrshire
BONS	Raça bovina Bonsmara
BRAF	Raça bovina Braford
BRA	Raça bovina Brahman
BSW	Raça bovina Pardo Suiço
CAN	Raça bovina Cannadienne

CHIL	Raça bovina Chillingham
DEV	Raça bovina Devon
GIR	Raça bovina Gir
GUE	Raça bovina Guernsey
GUZ	Raça bovina Guzerá
HER	Raça bovina Hereford
HOL	Raça bovina Holandês
IND	Raça bovina Indubrasil
JER	Raça bovina Jersey
MAR	Raça bovina Marchiggiana
MSHO	Raça bovina Shorthorn Leiteiro
NEL	Raça bovina Nelore
SIN	Raça bovina Sindi
TAB	Raça bovina Tabapuã
SEP	Raça bovina Senepol
SHO	Raça bovina Shorthorn
WAG	Raça bovina Wagyu
ROMAN	Raça ovina Romanov
Composto RCP	Composto ovino que inclui animais com mais de 50% Romney + Coopworth + Perendale e menos de 25% de Texel.
Composto RCPT	Composto ovino que inclui animais com mais de 50% Romney + Coopworth + Perendale e mais de 25% de Texel.
Composto rcp	Composto ovino que inclui animais com uma proporção de Romney + Coopworthy + Perendale maior que 30% e menor que 50%.
PED	Pedigree
ROH	Run on homozygosity – marcador molecular dna
Fped	Consanguinidade calculada por pedigree
Fgen	Consanguinidade calculada por marcador molecular
BR	Brasil

CAN	Canadá
ESP	Espanha
FRA	França
IND	Índia
IRL	Irlanda
NZ	Nova Zelândia
PAK	Paquistão
PT	Portugal
REP TCHE	República Tcheca
SA	África do Sul
UK	Reino Unido
USA	Estados Unidos

SUMÁRIO

1. Introdução	19
2. Revisão de literatura	22
2.1 Como definir a consanguinidade	23
2.2 Mensuração da consanguinidade	24
2.3 Base genética para a consanguinidade	26
2.4 Efeitos fenotípicos	27
2.5 Impacto da consanguinidade na criação de animais	28
2.6 Benefícios em usar consanguinidade	33
2.7 Linebreeding	34
2.8 Desenvolvimento de famílias	36
2.9 Detecção e eliminação de genes indesejáveis	36
2.10 Homozigose e prepotência genética	37
2.11 Heterose vs. homozigose	39
2.12 Manejo e controle da consanguinidade	40
2.13 Raça Chillingham	42
2.14 Generalidades sobre consanguinidade, seleção e conservação de raças	46
2.15 Consanguinidade na literatura científica	49
2.16 Shorthorn: A raça mãe	60
2.17 Raça Romney Marsh: um ovino carne que tem lã	77
3. Materiais e métodos	82
4. Resultados	90
4.1 Raça bovina Shorthorn	90
4.2 Raça ovina Romney Marsh	101
5. Discussão	109
5.1 Raça bovina Shorthorn	109
5.2 Raça ovina Romney Marsh	133
6. Conclusão	144
7. Considerações gerais	146
8. Bibliografia citada	155

1. INTRODUÇÃO

Dados oficiais divulgados no censo pecuário de 2017 informam que o Brasil possui 214.899.796 cabeças de bovinos e 17.976.367 cabeças de ovinos (IBGE, 2019). Entre os bovinos, as raças zebuínas têm uma importante parte na produção de carne e leite no Brasil. Uma estimativa de 80% da população é composta por raças zebuínas e cruzas com raças zebuínas (SANTANA JR. et al., 2016, pg.6), tendo em vista que o Brasil é um país tropical na maioria de seu território. O clima mais ameno e propício do sul do Brasil fez com que as raças bovinas de origem europeia concentrassem sua criação nesta região.

O rebanho bovino possui 35,5% de seu efetivo na região Centro Oeste, enquanto que a região Sul possui 12,58% da população nacional. O rebanho ovino possui ao redor de 62% de seu efetivo localizado no nordeste brasileiro. A região Sul possui 4.258.309 cabeças, ou seja, 23,69% do rebanho. (IBGE, 2019).

O gado bovino e ovino Crioulo de origem ibérica dominou a pecuária nacional por mais de 300 anos tendo em vista sua adaptação ao clima de todo território brasileiro. Acredita-se que a introdução dos primeiros animais da raça Shorthorn ocorreu no Estado do Rio Grande do Sul, possivelmente, logo após 1880, enquanto que, os primeiros ovinos Romney Marsh foram introduzidos por volta dos anos 1910.

Endogamia ou consanguinidade é definida como o acasalamento de indivíduos que são aparentados. Portanto, todos os animais dentro de uma raça estão relacionados e, todo criador de raça pura pratica algum grau de endogamia. Na maioria dos casos, esse relacionamento é muito leve, portanto, a endogamia é mais praticamente definida como o acasalamento de indivíduos mais estreitamente relacionados que a média da raça (AARON, 2014).

A consanguinidade promove aumento na prepotência, que é a habilidade de um indivíduo, geralmente um pai, transmitir a mesma herança para descendentes diferentes, e “padronizar” suas características na progênie. Essa prepotência é resultado do aumento da homozigose dos genes, pois, um indivíduo consanguíneo terá mais pares de genes homozigotos, e menos

combinações possíveis para os gametas. Assim, a composição genética de gametas do indivíduo consanguíneo será menos variável, de modo que a prole será mais parecida (BOON, 2014).

O precursor do uso da consanguinidade como ferramenta de seleção foi Robert Bakewell (n.1725 – m.1795), cidadão nascido em Dishley - Leicestershire, Inglaterra, sendo o primeiro a usar acasalamentos estreitos em bovinos, ovinos e equinos. Através destes acasalamentos consanguíneos, foram formadas as raças English Longhorn, Leicester e Shire. Após os ensaios de Bakewell, vários outros mestres da época usaram o método para dar início a várias raças de animais domésticos. Geralmente os cruzamentos iniciavam com a seleção de indivíduos que melhor personificavam o “biotipo ideal” de cada selecionador e, após, estes eram acasalados com suas crias ou com seus genitores, para desta forma, fixar as qualidades que desejavam em sua nova raça.

De acordo com Carolino e Gama (2008, pg. 512), a base genética da depressão por endogamia foi explicada por duas hipóteses principais. A hipótese de sobredominância, onde é assumido que a aptidão é maior em heterozigotos do que em qualquer dos homozigotos, e a hipótese da dominância. Nesta, presume-se que os alelos deletérios recessivos podem afetar a aptidão, de modo que os heterozigotos tem uma aptidão que está perto do wild type.

A endogamia pode ter efeitos dramáticos em um rebanho. Em geral os caracteres mais afetados pela depressão consanguínea são também aqueles que apresentam valores de heterose mais elevados e tendem a ter normalmente uma herdabilidade baixa. Na prática, correspondem sobretudo a caracteres associados com a reprodução e a sobrevivência (GAMA, 2002, pg.74). Em geral o desempenho animal para características como fertilidade, prolificidade, resistência a doenças, vigor e capacidade de sobrevivência diminui com a endogamia. Este declínio se denomina depressão endogâmica, que é essencialmente o oposto da heterose, ou do vigor híbrido, que é a vantagem obtida através do cruzamento de linhagens ou raças (AARON, 2014).

Portanto, o conhecimento dos pedigrees dos animais a serem usados, em especial aqueles que irão deixar grande quantidade de progênie, se faz de grande importância (BOON, 2014). O nível de endogamia dentro de um rebanho pode ser medido, e uma vez que os níveis são conhecidos, as estratégias de criação podem ser planejadas para minimizar os riscos. Para medir estes níveis existem softwares computacionais que analisam os pedigrees, informando de forma rápida e direta o valor individual da consanguinidade (F_x) de cada indivíduo.

A endogamia não resulta em desastre quando o uso desta se concentra em indivíduos geneticamente superiores (NORTHCUTT et al., 2004, pg.4). E, quando combinada com seleção, poderá ter algum interesse zootécnico, sobretudo porque facilita a detecção de portadores de genes recessivos e contribui para uma mais rápida fixação de alguns genes (GAMA, 2002, pg.82).

Recentemente se vem observando diminuição drástica na população da raça bovina Shorthorn no Brasil, o que pode ocasionar um estreitamento perigoso de seu gene pool. De maneira semelhante, se observa que a raça ovina Romney Marsh demanda por novas linhas de sangue para “refrescamento”. Porém, estas observações são baseadas em dados empíricos de conversas cotidianas com criadores de ambas as raças. Sendo assim, se faz necessário um estudo com base científica para verificar se a necessidade de novas linhagens é pertinente, a curto ou médio prazo.

Deste modo, o objetivo do presente estudo é investigar a estrutura e a diversidade genética dos rebanhos bovino da raça Shorthorn e ovino da raça Romney Marsh brasileiros por meio da análise de pedigree da população.

2. REVISÃO DE LITERATURA

A consanguinidade foi usada em maior ou menor grau na fase inicial de estabelecimento de praticamente todas as raças, sobretudo para facilitar a fixação de alguns genes simples associados com a definição de padrão da raça (GAMA, 2002, pg.82). Em outros casos a consanguinidade é usada deliberadamente a fim de acelerar ou concentrar um programa de seleção (ALDERSON, 1997, pg.17).

A consanguinidade sozinha não muda a frequência de genes, mas em populações pequenas alguns alelos podem ser perdidos pela mudança conforme a consanguinidade progride. Em uma população pequena a frequência de genes pode flutuar extremamente, e por esta mudança, certos genes iriam ser perdidos, assim como, outros fixados. Em grandes populações a flutuação da frequência de genes seria menos extrema, e poucos alelos seriam perdidos (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.229).

Lynch e Walsh (1997, pg. 132) afirmam que todos os membros de uma espécie ou população são relacionados uns aos outros em algum grau pela simples razão que eles contem cópias de genes que estavam presentes em algum ancestral remoto de sua filogenia. Legates e Warwick (1990, pg.212) complementam quando dizem que, se as práticas de criação de muitos dos excepcionais criadores forem examinadas, será visto que alguns acasalamentos fechados ou alguma consanguinidade foi praticada, apesar de que a consanguinidade fosse suave.

Para os geneticistas que estão interessados em manter raças raras com um nível seguro de consanguinidade, o número de diferentes famílias de machos e fêmeas é frequentemente irrelevante. A consanguinidade é controlada pelo tamanho da população, número de pais usados em cada geração e a estrutura de acasalamentos (WALTERS, 2001, pg.66). No contexto da caracterização da estrutura genética das populações, a descrição da consanguinidade é de especial importância (SERRANO et al.,1996, pg.96). Assim, é de extrema importância que os pedigrees dos animais estejam

anotados para um programa de conservação, a fim de que o coeficiente de consanguinidade possa ser calculado (FAO, 1998).

Lopa (2015, pg. 53), ao estudar a raça bovina Braford, afirma que a baixa integridade do pedigree e o fato da população ser aberta refletem em baixos valores de endogamia. Porém o estudo da estrutura populacional do rebanho Braford registrado demonstrou que a qualidade do pedigree vem aumentando gradativamente pela maior conscientização dos criadores da importância das informações para o programa de avaliação genética.

2.1 Como definir a consanguinidade

Um animal é consanguíneo quando seus parentes são relacionados (FRIES e RUVINSKY, 2007, pg.520). Legates e Warwick (1990, pg.212), descrevem que a consanguinidade é um sistema de acasalamento onde os progenitores são mais estritamente correlacionados que a média dos indivíduos da raça ou população. Com a consanguinidade, os acasalamentos são escolhidos porque possuem um ancestral comum relacionado. Lynch e Walsh (1997, pg. 133), ainda concluem que indivíduos que contem pares de alelos idênticos por descendência são chamados consanguíneos (inbred). Gama (2002, pg.61) concorda em dizer que, por consanguinidade entende-se o acasalamento de indivíduos aparentados, isto é, indivíduos que tem entre si ascendentes comuns.

Quando indivíduos relacionados são pareados a progênie tende a se tornar mais homozigota, e por consequência diminui a heterozigosidade, este é o motivo subjacente para as mudanças de fenótipo e genótipo, as quais estão associadas com a consanguinidade (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.213). O principal efeito genético da endogamia é aumentar a proporção dos loci na população homozigótica. Isto resulta do fato de que os parceiros relacionados são mais parecidos em sua constituição genética do que os companheiros que são escolhidos aleatoriamente (CHEONG, 1977, pg.23).

Em geral, consanguinidade tem sido associada com aumento da homozigose, redistribuição das variações genéticas, uma grande probabilidade

de expressão de genes recessivos letais e redução na performance dos animais consanguíneos (HANSEN et al., 2003, pg.12).

2.2 Mensuração da consanguinidade

Tecnicamente, o coeficiente de consanguinidade é a probabilidade que um animal receba o mesmo gene de ambos os pais. Uma maneira simples de detectar a consanguinidade é verificar se o mesmo ancestral aparece no pedigree de ambos pai e mãe, criando a possibilidade de passar o exato gene para a progênie através de ambos os pais (FRIES e RUVINSKY, 2007, pg.520). Legates e Warwick (1990, pg.214) dizem que, embora várias tentativas foram propostas para medir a intensidade da consanguinidade, o coeficiente de consanguinidade (F_x) proposto por Wright em 1921 continua em uso geral.

Define-se o coeficiente de consanguinidade de um indivíduo (F_x) como a probabilidade de dois alelos no mesmo locus serem iguais por descendência, isto é, serem cópias de um gene do mesmo ascendente comum (GAMA, 2002, pg.61).

O coeficiente de consanguinidade representa o provável aumento na homozigose resultante do acasalamento de indivíduos mais estritamente relacionados que a média da população, podendo variar de 0 a 1, também frequentemente referido como porcentagem entre 0 a 100 (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.214). O coeficiente de endogamia pode ter qualquer valor entre 0 e 1,0, embora seja improvável que tenha um valor muito acima de 0,5 na maioria dos rebanhos. Esses coeficientes são relativos a uma população particular. É razoavelmente fácil ter a abordagem 1,0 em espécies de plantas onde a autofecundação é possível. Além disso, algumas linhas de animais de laboratório têm coeficientes de endogamia médios muito altos (NORTHCUTT et al., 2004, pg.2).

A intensidade da consanguinidade medida pelo coeficiente de consanguinidade é relativa a uma raça ou população em um tempo específico. Se os pedigrees apresentam seis gerações, o coeficiente de consanguinidade dele representa o provável aumento na homozigose a qual ocorreu como um

resultado do acasalamento de indivíduos relacionados desde a data de referência nas seis gerações prévias (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.214). É importante que os pedigrees de todos animais na população sejam conhecidos (OLORI e WICKHAM, 2004, pg.41).

A extrema consanguinidade é relegada para estudos experimentais. De maneira mais comum um rebanho pode ser fechado para a introdução de genética de fora e um número limitado de pais são colocados em serviço. Frequentemente a população é descrita em termos de um, dois ou três pais de rebanho. Em ocasiões em que um criador deseja fechar seu rebanho, ainda poderia manter a perda de heterozigidade para o que pode ser chamado um “nível razoável” (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.228).

Situações foram relatadas em que a heterozigidade em linhas consanguíneas é aparentemente maior ao que se poderia esperar nos resultados de coeficiente de consanguinidade calculados por computador. Estes casos apontam a possibilidade de que a seleção durante o processo de consanguinidade favorece a heterozigose em relação a homozigose. Quão frequente a superioridade da heterozigose é manifestada é um fato desconhecido. Provavelmente, isto seria mais frequente para características que influenciam a capacidade reprodutiva (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.231).

Desde que a consanguinidade, na média, não afete de maneira negativa a performance, é possível que a seleção por estes caracteres durante a consanguinidade, favoreça animais de maior heterozigidade que a média. Este processo de seleção, continuado por um período de várias gerações, pode resultar em substancial heterozigidade em uma linha consanguínea do que os coeficientes de consanguinidade poderiam indicar. Se os pares de genes com maior efeito exibem heterozigidade superior, e o sistema de acasalamentos consanguíneos foi tão suave que permitiu a seleção de outras características além da aptidão reprodutiva (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.231). Historicamente uma consanguinidade leve, e a seleção direcionada para o maior uso de ancestrais proeminentes tem fornecido a população fundadora das raças atuais (HANSEN et al., 2003, pg.18).

O Coeficiente de Coancestral é a probabilidade que estes dois genes sejam idênticos por descendência (LYNCH e WELSH, 1997, pg.135). A média de coancestrais ou medias de parentesco é uma boa medida da variação genética pois está diretamente relacionada à heterozigosidade esperada, sendo responsável pelos efeitos de ambos fundadores e os efeitos da deriva genética em uma população pequena. Isto descreve a variação genética de ambas em um nível de genes ou alelos, bem como ao nível de população porque está diretamente relacionada ao tamanho e variabilidade da população. (CABALLERO e TORO, 2000 apud OLORI e WICKHAM, 2004, pg.43).

Um aspecto que não deve ser descuidado é a possível diferença existente entre a consanguinidade estimada e a consanguinidade real de um indivíduo. Quando dizemos que, para um animal (F_x) = 0,2, significa que esperamos que ele possua 20% dos locis que antes eram heterozigóticos se tornaram homozigóticos. Contudo, nada garante que esse animal específico tenha realmente esse grau de homozigose. Isso quer dizer que, sobretudo quando a depressão consanguínea é importante, a seleção, natural ou artificial, tenderá a, entre os indivíduos com um F semelhante, favorecer aqueles que tem um F real mais baixo. Nestas condições, é possível que a consanguinidade real seja inferior à consanguinidade calculada (GAMA, 2002, pg.83).

2.3 Base genética para a consanguinidade

As consequências genéticas da consanguinidade não eram totalmente compreendidas quando as raças atuais foram desenvolvidas, mas criadores práticos tiveram uma apreciação para isto através de sua experiência (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.212).

Se todos os efeitos do gene são aditivos, não se espera que a consanguinidade produza uma redução na média da performance. Alelos se tornam mais homozigotos sem considerar seus efeitos, e o mais desejável, bem como, o menos desejável efeito de gene tenderiam a estar balanceados. No contrário, se algum grau de dominância é expresso, um aumento na homozigosidade iria produzir um declínio no mérito médio, desde que a proporção do loci recessivo homozigoto aumente. Então, a hipótese de

dominância do gene favorável surge como uma explicação para as consequências da consanguinidade (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.231).

Outra possível razão genética para o efeito prejudicial da consanguinidade é que, em alguns casos ao menos, a heterozigosidade pode ser melhor que a homozigosidade, onde mecanismos genéticos agem de tal modo que animais heterozigotos para qualquer par de genes simples ou gene complexos tem aptidão e características de performance superiores. Então, o termo sobre dominância tem sido aplicado para descrever o fenômeno (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.231).

MacKinnon (2003, pg. 7) cita que comumente, os efeitos negativos de endogamia, ou depressão endogâmica, são considerados mais freqüentes ocorrem devido a um aumento nas freqüências de alelos recessivos que afetam adversamente os traços de interesse. O aumento da frequência de alelos recessivos leva a um maior número de indivíduos que são homozigotos para os alelos recessivos, enquanto que nas populações não endogâmicas, o alelo recessivo seria mais freqüentemente mascarada por um alelo dominante vantajoso.

A mais provável situação seria que ambas as hipóteses são parcialmente corretas. Certamente a consanguinidade traz muitos genes recessivos à luz. Para muitos pesquisadores não há sugestão de que heterozigotos tem uma vantagem seletiva. Isto indica que a hipótese de dominância é importante. Nem as aparentes evidencias de sobredominância em alguns casos foram esquecidas. Obviamente, a base genética para depressão por consanguinidade e a heterose estão claramente relacionadas, desde que os mesmos loci estejam envolvidos. Aquelas características a qual mostram uma marcada depressão por consanguinidade também exibem heterose quando linhagens genéticas diferentes são cruzadas (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.232).

2.4 Efeitos fenotípicos

Os efeitos da consanguinidade foram notados e anotados antes mesmo da abordagem experimental ser conduzida. Charles Darwin, em 1886, declarou

que “as consequências da estreita consanguinidade mantida por muito tempo são, como é geralmente acreditado, ocasionam perdas de tamanho, vigor e fertilidade, algumas vezes acompanhada por uma tendência a malformação”. Por muitos anos persistiu a crença que os efeitos detrimenais da consanguinidade resultavam dela mesma por si só. Este ponto de vista estava correto quando a natureza Mendeliana da herança foi elaborada. Efeitos detrimenais eram a consequência da consanguinidade, mas a consanguinidade sozinha não era a culpada, apenas se descobriu as tendências deletérias latentes e as permitiu sua expressão (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.232).

Antes da virada do século XIX, Crampe (1883) e Ritzema-Bos (1894) demonstraram os efeitos adversos da consanguinidade na fertilidade e no tamanho de ninhadas de ratos. Numerosas anormalidades apareceram conforme a consanguinidade progredia. Os ratos de Crampe foram consanguíneos por 17 gerações e os ratos de Ritzema-Bos consanguíneos por volta de 30 gerações. Entretanto, como a consanguinidade das ninhadas era irregular, um calculo confiável do coeficiente de consanguinidade destas populações não pode ser feita (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.232).

No Instituto Wistar, ratos foram consanguíneos através de acasalamentos de irmãos e irmãs por mais de 125 gerações. Os resultados da pesquisa de King H.D. (1918) eram diferentes daqueles encontrados pelos pesquisadores anteriores. Por rigorosa seleção junto com os acasalamentos consanguíneos, nem a fertilidade nem o vigor constitucional foram reduzidos. Seus fundadores vieram de uma colônia sem qualquer parentesco entre os animais, e cuidado especial foi dado aos requerimentos nutricionais dos consanguíneos. Os ratos Wistar continuaram a ser uma das mais amplamente usadas linhagens de animais de laboratório nos Estados Unidos (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.232).

2.5 Impacto da consanguinidade na criação de animais

Os inconvenientes da consanguinidade podem agrupar-se em três categorias principais: 1 - Aumento da frequência de genótipos homozigotos,

muitas vezes homozigotos recessivos deletérios, mantidos normalmente na população a baixas frequências; 2 - Depressão consanguínea, com impacto negativo na média de muitos caracteres, nomeadamente os associados com a sobrevivência da espécie e; 3 - Redução da variabilidade genética e, conseqüentemente, da eficiência do processo de seleção (GAMA, 2002, pg.81).

A endogamia não cria genes recessivos indesejáveis, mas tende a trazer à luz essa genética desfavorável. Isso leva a um declínio no desempenho fenotípico médio chamado depressão por endogamia (NORTHCUTT et al, 2004, pg.1). Uma outra consequência é o decréscimo de produtividade observada em diversos caracteres quando a consanguinidade aumenta, e que se dá normalmente o nome de depressão consanguínea (GAMA, 2002, pg.73). A consequência em receber o mesmo gene de ambos ancestrais é que a probabilidade de genes indesejáveis aumenta. Isto leva a diminuição da produtividade que se chama depressão consanguínea (FRIES e RUVINSKY, 2007, pg.520).

Em geral os caracteres mais afetados pela depressão consanguínea são também aqueles que apresentam valores de heterose mais elevados e tendem a ter normalmente uma herdabilidade baixa, na prática, correspondem sobretudo a caracteres associados com a reprodução e sobrevivência da espécie. Estes aspectos são o reflexo da ação de genes com efeito essencialmente de dominância a que estes caracteres estão sujeitos inversamente, os caracteres cuja herdabilidade é mais elevada são sobretudo influenciados por genes com ação aditiva, pelo que tendem a não ser muito afetados pela depressão consanguínea e pela heterose (GAMA, 2002, pg.74).

A depressão por endogamia tem o maior efeito sobre as características reprodutivas, seguida por características de crescimento, com pouco ou nenhum efeito sobre as características de carcaça (NORTHCUTT et al, 2004, pg.1). Esta expressão nos permite concluir que a depressão consanguínea, redução na performance média da população, resulta da diminuição da frequência de heterozigotos, e é maior quando; a consanguinidade da

população aumenta, o caráter é afetado por alguma forma de dominância, e as frequências genicas são intermédias (GAMA, 2002, pg.74).

Se houver a combinação de genes epistáticos nas raças dos progenitores, haverá um efeito positivo na produção, porém, frequentemente ocorre uma quebra destas combinações nas gerações seguintes, e por consequência a diminuição da produção. A perda destes efeitos epistáticos é chamada de perda por recombinação (FRIES e RUVINSKY, 2007, pg.521).

Quando se fala em depressão consanguínea, particularmente nas espécies pecuárias, convirá distinguir entre efeitos da consanguinidade do indivíduo e da consanguinidade da mãe. Por exemplo, o peso da desmame de um terneiro pode ser afetado por o próprio terneiro ser consanguíneo, efeito do genótipo do terneiro na sua capacidade de crescimento, ou por a mãe ser consanguínea, efeito do genótipo materno nas suas qualidades maternais (GAMA, 2002, pg.74).

Os efeitos da consanguinidade têm sido variáveis em diferentes estudos com raças de bovinos de corte, mas na média, o peso ao desmame diminui 300 gramas por cada 1% de consanguinidade do terneiro, e um adicional de 250 a 500 gramas para cada 1% de consanguinidade da mãe. Crias com sexo masculino são mais afetados que as crias de sexo feminino quando se mede a consanguinidade da mãe. A razão postulada é que os machos apresentam maior crescimento potencial e, portanto, são mais afetados pela redução na produção de leite pela consanguinidade da mãe. Consanguinidade tem efeito negativo sobre os ganhos após o desmame ao redor de 1,5 gramas por dia para cada 1% de consanguinidade em ambos os sexos (LEGATES e WARWICK, 1990, pg. 233). Gama (2002, pg.75) descreve um decréscimo médio de 440 gramas no peso à desmama, adicionado ao decréscimo de 300 gramas para cada 1% de consanguinidade da cria e da mãe respectivamente.

Na maioria dos caracteres de interesse em produção animal não se conhecem com exatidão quais os genes que afetam determinado caráter, mas, ainda assim, a depressão consanguínea, decréscimo médio de produtividade por 1% de Fx, pode ser estimada como a regressão da performance no grau de consanguinidade (GAMA, 2002, pg.74).

Fertilidade e viabilidade da cria são reduzidas mais drasticamente que outras características. Em média um aumento de 10% na consanguinidade da mãe resulta em um aumento de 2% na taxa de não prenhes e uma redução de 1% na taxa de desmame por vaca (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.234). Relato descrito por Gama (2002, pg. 75) indica o decréscimo da fertilidade em bovinos leiteiros foi de 9% para cada 10% de consanguinidade direta e de 12,6% para a mães.

Gama (2002, pg.75) descreve o efeito sobre diferentes características produtivas em bovinos de corte, portanto a cada incremento de 1% da consanguinidade no indivíduo, se vê a diminuição de 60 gramas no peso ao nascer, 150 gramas no peso aos 3 meses de idade, 690 gramas de peso ao ano, 14 gramas no consumo de alimento diário, 2 gramas por cada quilo consumido de alimento e menos 12,4 kg de peso desmamado em sua vida total e, a diminuição em 12 dias de sua vida. Ainda, um aumento de 1,7 dias para o primeiro parto, 1,4 dias para o intervalo entre partos.

Cheong (1977, pg.26) ao analisar dados de Aberdeen Angus na Nova Zelândia descreve que os animais endogâmicos eram menores no nascimento e cresciam mais lentamente que os não puros, e a hipófise também era menor. Ainda que, ocorreu declínio do rendimento de gordura do leite.

Lamberson e Thomas apud Burrow (1993, pg. 741) dizem que o efeito da consanguinidade nas características de crescimento varia muito nas raças ovinas de carne ou lã, os efeitos no peso ao nascer variam de + 0,022 kg até - 0,029 kg para 1% de consanguinidade do indivíduo. E que os efeitos sobre o peso ao desmame variam entre + 0,036 até - 0.177 kg.

Na espécie ovina, foi visto uma diminuição de 17 gramas no kg de velo, 8 cm no comprimento de fibra, aumento de 4 mm no diâmetro de fibra, menos 17 gramas de peso ao nascer, menos 111 gramas de peso ao desmame, menos 178 gramas de peso ao ano, diminuição de 1,3% na sobrevivência até o desmame, menos 1,5% na fertilidade das fêmeas (GAMA, 2002, pg.75).

O aumento da homozigose traz como consequência um marcado aumento da frequência de genes deletérios como aqueles que determinam o surgimento da Disordem de Pompei nas raças Brahman e Shorthorn, a

Hemimelia Tibial no Galloway, e a Manosidose no Aberdeen Angus (BURROW. 1993. pg. 749).

Algumas anomalias genéticas que ocorrem em bovinos são: Acondroplasia tipos I, II e III, que normalmente gera uma má formação fetal e consequente aborto; Agnatia, a mandíbula inferior é mais curta do que a superior; Amputação, os animais afetados possuem dois ou mais membros defeituosos; Cabeça Bulldog ou Prognatismo; Hérnia Cerebral, causa uma abertura no crânio; Espasmos Letais Congênitos; Catarata congênita; Membros curvos; Epilepsia; Lábio Leporino; Alopecia, ausência total ou parcial dos pêlos; Hidrocefalia, Hipoplasia de Ovário ou Testículo, o animal nasce sem uma ou sem as duas gônadas; Espinha Curta; Hérnia Umbilical; Cauda torcida, entre outras, sendo várias delas letais (KOURI FILHO, 2002).

Um estudo mais recente, Leroy (2014, pg.621) ao verificar os efeitos da endogamia sobre várias características produtivas e reprodutivas utilizando meta análise verificou que ocorre aumento da distocia, diminuição da fertilidade e do perímetro escrotal, diminuição da proteína do leite e peso de lã de forma significativa ($p < 0,05$). Enquanto a fecundidade, número de progênie desmamada, crescimento, produção de leite são afetadas negativamente com uma alta significância ($p < 0,001$). Outras características como idade á desmama, tempo de gestação, longevidade funcional, sobrevivência da cria em função da mãe, escore de condição corporal, esqueleto, qualidade de carcaça, conformação do corpo, locomoção e temperamento não apresentaram diferença significativa estatisticamente.

A consequência da seleção ampla e intensa de touros de forma industrial é o aumento da consanguinidade dentro de uma população e, o uso de um modelo animal para avaliação, tende a aumentar ainda mais a consanguinidade, pois, certas famílias tendem a ser selecionadas (FRIES e RUVINSKY, 2007, pg.520). Em populações fechadas a consanguinidade tende a aumentar, dado que mais cedo ou mais tarde os reprodutores têm ascendentes comuns (GAMA, 2002, pg.72). Com respeito ao crescimento algumas linhas são mais severamente afetadas que outras. Touros consanguíneos produzem sêmen de menor qualidade que seus

contemporâneos de menor idade (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.234). A relação de parentesco entre os animais dos rebanhos e os touros das centrais de sêmen irá aumentar com o tempo, a menos que touros não relacionados com excepcional mérito genético possam ser identificados e utilizados. Existe hoje, uma preocupação que o uso de apenas uns poucos touros excepcionais irá eventualmente contribuir para o estreitamento da base genética da população bovina (HANSEN et al., 2003, pg.12).

2.6 Benefícios em usar consanguinidade

A endogamia pode ter benefícios para um produtor de genética se o criador entende como monitorá-la e está disposto a sacrificar algum desempenho no processo (NORTHCUTT et al, 2004, pg.2). Porém, Legates e Warwick (1990, pg. 236) contrapõem este ponto de vista ao citar que apesar dos ocasionais bons resultados obtidos pela consanguinidade, se torna cada vez mais evidente que o desenvolvimento de animais consanguíneos altamente produtivos em nossos rebanhos não é provável em um futuro próximo. Em vez disso, quaisquer contribuições positivas da endogamia podem ajudar na produção, e que podem ser usadas com resultados previsíveis como pais para animais comerciais ou cruzados

Toda endogamia não resulta em desastre quando o uso da endogamia se concentra em indivíduos geneticamente superiores (NORTHCUTT et al, 2004, pg.4). No entanto, quando combinada com seleção, poderá ter algum interesse, sobretudo porque facilita a detecção de portadores de genes recessivos e contribui para uma mais rápida fixação de alguns genes (GAMA, 2002, pg.82).

Apesar do uso de acasalamentos rotacionais, unidades nucleares ou qualquer outro dispositivo, é inevitável que haverá um aumento na consanguinidade em uma população pequena. Seu efeito é imprevisível. Em alguns casos pode haver suficientes deletérios recessivos no genótipo para levar a raça para extinção, enquanto que outras raças mostram uma notável tolerância à consanguinidade (ALDERSON, 1997, pg.17). A seleção pressupõe que alguns indivíduos deixarão mais descendentes para substituição que

outros, e conseqüentemente a taxa de consanguinidade será normalmente mais elevada que a esperada pelas expressões precedentes. Métodos que conduzem a resposta à seleção mais elevadas, como por exemplo a inseminação artificial e o MOET, resultam obviamente em taxas de consanguinidade também mais elevadas (GAMA, 2002, pg.82).

As possíveis vantagens resultantes da consanguinidade são bastantes reduzidas, e têm sobretudo a ver com a possível detecção de portadores de genes recessivos. Além disso, a menor variabilidade observada em populações consanguíneas poderá levar a alguma fixação de tipo e maior uniformidade na descendência de indivíduos consanguíneos (GAMA, 2002, pg.81).

Globalmente, o balanço resultante do processo de consanguinidade é negativo, e diversos métodos de seleção preconizados atualmente tentam combinar a resposta à seleção com a consanguinidade gerada pela mesma (GAMA, 2002, pg.82).

Northcutt et al (2004, pg.4) resume de forma prática como os produtores de gado podem utilizar a consanguinidade: (1) Avaliação crítica de um indivíduo envolve testes para detectar a presença de genes recessivos. Este processo é necessário antes de formar um programa de criação em torno desse indivíduo. (2) Desenvolver linhas puras para uso em um sistema de mestiçagem. Linhas de indivíduos geneticamente diferentes podem ser desenvolvidas usando endogamia. Mais tarde, as linhas geneticamente diferentes podem ser usadas em cruzamentos. Exemplos dessa prática são evidentes nas indústrias de milho e aves. (3) Concentrar o uso de um indivíduo geneticamente superior através de linebreeding, que é uma forma mais suave de endogamia, mantendo um alto grau de relacionamento entre indivíduos no pedigree, embora tenham um baixo nível de endogamia.

2.7 Linebreeding

Para uma consanguinidade leve os progenitores podem estar relacionados como primos segundos, mas uma consanguinidade intensa pode envolver o acasalamento entre irmãos inteiros ou progenitores com progênie (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.213).

Discordâncias sobre a terminologia surgem pois alguns definem linebreeding apenas como o acasalamento de animais relacionados mais distantes, independentemente de ser direcionado para um único ancestral favorecido ou não. Atualmente closebreeding e linebreeding são variantes de consanguinidade, o acasalamento de pai sobre filha ou filho sobre mãe é uma das mais próximas formas de consanguinidade e este é classificado como closebreeding. Este é também o tipo mais efetivo de acasalamento para concentrar o material hereditário do pai e, poderia logicamente, ser chamado linebreeding ou talvez linebreeding próximo (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.237).

Muitos criadores, bem como produtores comerciais, desconfiam da consanguinidade mais intensa, eles frequentemente estão dispostos a usar uma forma mais suave para manter uma alta relação de parentesco com algum ancestral supostamente extraordinário. Embora o linebreeding seja consanguinidade em seu sentido fundamental, seu propósito inicial não é aumentar a homoziguidade, mas reter uma grande proporção de genes do indivíduo desejado (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.237).

Linebreeding é uma tentativa de manter um alto relacionamento com algum ancestral de exceção, enquanto mantém a endogamia o mais baixo possível. Foi experimentado na maioria das raças de gado. Tem a vantagem de manter genes de indivíduos excepcionais que não estão mais disponíveis para fins de reprodução (NORTHCUTT et al, 2004, pg.4). A estrutura de um programa de linebreeding pode ser feita de várias formas. Um plano base para manter uma alta relação genética com um pai extraordinário é praticamente viável (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.237).

A consanguinidade através de linhas deve ser tentado apenas em rebanhos superiores que têm dificuldade em encontrar touros de fora que são de mérito suficiente para melhorar o rebanho. O ancestral que é o objeto do linebreeding deve ser claramente destacado com base em critérios de desempenho. Outros perigos associados a este sistema incluem o inevitável acúmulo de endogamia e a possibilidade de linebreeding a um filho inferior de um touro excepcional (NORTHCUTT et al, 2004, pg.4).

2.8 Desenvolvimento de famílias

O acasalamento de pai sobre filha é a abordagem mais extrema para a formação de famílias distintas através de consanguinidade (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.238).

Consanguinidade tende a desenvolver distintas linhas ou famílias como um plano de criação continuado (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.238). Certas famílias podem demonstrar desempenho superior, mas se um grupo familiar tiver um desempenho médio ruim, deve ser descartado rapidamente (NORTHCUTT et al, 2004, pg.2).

Subdividir uma raça em famílias que podem ser identificadas e cruzadas com algum pequeno benefício. Às vezes essas famílias terão características distintas que ajudarão no seu reconhecimento (NORTHCUTT et al, 2004, pg.2). No entanto, a consanguinidade deliberadamente planejada para ajudar a seleção de famílias não parece promissora. A restrição à seleção entre famílias endogâmicas diminui a intensidade do potencial de seleção, e um limitado aumento na média dos genes é esperado da progênie dos cruzamentos endogâmicos de pais altamente correlacionados. Portanto, a endogamia parece ter pouco a oferecer, a menos que a hereditariedade do caráter em questão seja baixa e a correlação ambiental entre os membros familiares seja pequena (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.238).

2.9 Detecção e eliminação de genes indesejáveis

Por definição, o coeficiente de consanguinidade de uma população é o decréscimo proporcional, relativamente à população base, da proporção de indivíduos heterozigóticos (GAMA, 2002, pg.72), e que a frequência de homozigóticos recessivos deletérios pode ser substancialmente elevada quando a consanguinidade aumenta. Daqui resulta o conhecimento generalizado de que a frequência de genótipos recessivos aumenta quando indivíduos aparentados são acasalados, daí se dizer que a consanguinidade destapa os genes recessivos (GAMA, 2002, pg.73).

Em muitos experimentos de consanguinidade, anormalidades hereditárias ou genes letais aparecem. Estas características são quase sempre de herança recessiva. Genes para estes podem estar frequentes em baixa frequência nos rebanhos não consanguíneos, mas apenas escondidos e ignorados, geralmente ou sempre acobertados por alelos dominantes. Quando ocorre consanguinidade a probabilidade destes genes aparecerem na forma homozigota aumenta, da mesma maneira que a probabilidade de todos os tipos de genes em homozigose surgir aumenta. Consanguinidade não cria tais fatores, apenas permite que estes sejam expressos e identificados (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.238).

O grau em que ocorre a depressão por endogamia depende de como muitos alelos deletérios estão presentes na população fundadora (MACKINNON, 2003, pg.7)

Esta pratica de acasalar um touro a 15 ou 20 de suas filhas é usado em algumas situações para testar a presença de genes deletérios que se expressam em idade jovem. Animais suspeitos de carregar genes letais ou semi letais podem ser testados em muitos casos da mesma maneira antes de serem usados extensivamente (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.239).

2.10 Homozigose e prepotência genética

Consanguinidade é o único método conhecido de aumentar a prepotência genética, sendo que esta depende da homozigose de genes dominantes (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.239). A endogamia promove um aumento na prepotência, que é a capacidade de um indivíduo para transmitir de forma consistente as suas características. Esta prepotência resulta do aumento da homozigose (NORTHCUTT et al, 2004, pg.3).

Aqueles animais que têm desempenho razoavelmente bom em um programa de consanguinidade, devem ser homozigotos para um número maior de genes desejáveis que a média da população. Sua homozigosidade aumentada significa que a composição de seus gametas será mais uniforme do que a dos animais não consanguíneos. Portanto, seus descendentes devem ser mais uniformes (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.239).

Já que um indivíduo consanguíneo terá mais genes homozigotos pares de um indivíduo não consanguíneo, há menos possibilidade de combinações de genes para os espermatozoides ou óvulos. Como resultado, a prole deve ser mais semelhante (NORTHCUTT et al, 2004, pg.3).

Se espera um aumento na uniformidade de características produtivas, como taxas de crescimento e tamanho de ninhada nos animais consanguíneos se comparados aos não consanguíneos. Dados atuais sobre este ponto são limitados, mas eles parecem não indicar nenhum aumento notável de uniformidade. Talvez o aumento na uniformidade genética seja balanceada por um aumento na suscetibilidade aos fatores ambientais adversos que afetam alguns indivíduos mais que outros e que, assim, aumentam a variação ambiental (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.239).

Também tem sido sugerido que a heterose pode ser explicada em termos de dominância ordinária de genes relativamente favoráveis ao vigor e à correspondente recessividade do vigor desfavorável do gene. Isso implica que nos cruzamentos entre linhas endogâmicas altamente homozigóticas, os alelos dominantes e recessivos eram reunidos e os últimos não podiam exercer seu efeito (CHEONG, 1977, pg.27).

É conhecido que a depressão por consanguinidade é uma inevitável consequência da dominância. Quando a ação do gene é puramente aditiva, o efeito da media fenotípica associada com alelos são independentes do passado genético. Consequentemente, a depressão endogâmica não ocorre para características com genética básica aditiva. No entanto, com a dominância o efeito fenotípico médio de um alelo muda com uma mudança nas freqüências genotípicas, mesmo na ausência de alteração da freqüência alélica, porque a expressão alélica é uma função do background genético (LYNCH e WELSH, 1997, pg.251).

Duas hipóteses contrárias são usadas para explicar a depressão endogâmica. Segundo (LYNCH e WELSH, 1997, pg. 253-254), que descreve vários autores, a hipótese da dominância discute que a depressão por consanguinidade é causada pela expressão de genes deletérios recessivos nos indivíduos homozigóticos. Enquanto que, a hipótese de sobredominância indica

que algo especial sobre o estado de heterozigose causa um aumento relativo de vigor a ambos homozigotos.

MacKinnon (2003, pg. 7) conclui que a hipótese é às vezes invocada para explicar as vantagens observadas de cruzamentos e vigor híbrido. Não há muitos estudos bem desenhados para provar a hipótese da sobredominância.

Desde que os genes desejáveis são frequentemente dominantes, bons animais consanguíneos são esperados a ser prepotentes, isto é, para marcar suas próprias características sobre sua progênie, excluindo aquela de outros pais (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.239). Devido a existência de vários tipos de dominância, uma simples explanação para explicar a depressão endogâmica não fornece de forma nenhuma um entendimento completo do processo (LYNCH e WELSH, 1997, pg.252).

2.11 Heterose vs. homozigose

Heterose é geralmente o resultado de cruzamentos entre raças (FRIES e RUVINSKY, 2007, pg.521). O aumento da heterozigose, ou vigor híbrido, é expresso quando a média da progênie supera a média dos pais. Heterose é a expressão mais geral para a diferença entre a média da progênie e a média dos pais, com o potencial para ser positiva, negativa ou sem heterose. O aumento na heterozigose pode promover a superioridade do indivíduo (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.241).

Por heterose entende-se a diferença entre a performance média de dois cruzamentos recíprocos e a média das raças puras que contribuem para o cruzamento (GAMA, 2002, pg.89). Fries e Ruvinsky (2007, pg.521) descrevem a heterose como oposta a consanguinidade, e descreve um aumento na heterozigose reduzindo o aparecimento de genes deletérios recessivos. A heterose mede o grau que a progênie excede a média da performance dos seus progenitores, magnitude que depende de quão geneticamente distantes estão os pais.

Enquanto que a consanguinidade é o sistema a qual os acasalamentos são feitos entre indivíduos mais próximo relacionados que a média da população ou raça, "outbreeding" é o sistema de acasalamento na qual os

progenitores são menos próximo relacionados que a média da população ou raça. Inclui o acasalamento de animais não relacionados dentro de uma raça, absorção, cruzamento de linhas, cruzamentos e, de modo mais extremo entre animais de diferentes espécies (LEGATES e WARWICK, 1990, pg.241).

Para a maior parte, a parte pratica de usar outbreeding resulta do fato que os genes com efeitos favoráveis geralmente expressam alguma dominância sobre seus alelos (LEGATES e WARWICK, 1990, pg. 241).

2.12 Manejo e controle da consanguinidade

Documentos da FAO (1998) descrevem que apesar de não ser possível medir a variação genética em todos os fatores, se pode medir sua taxa de perda, e controlando estas taxas, as manter em níveis baixos. Reduzir ao mínimo a perda da variação genética é equivalente a reduzir o coeficiente de consanguinidade em uma população. Este é o mais importante parâmetro dos programas que mantêm a diversidade genética.

Os efeitos indesejados da endogamia geralmente levam os criadores a tentar evitar cruzamentos entre parentes. Existem problemas que podem ocorrer como resultado de evitar endogamia, incluindo acúmulo de endogamia em gerações posteriores e resposta de seleção submáxima. Manter um grupo selecionado de animais com constante ou crescente produção e aptidão, endogamia deve ser controlada e deve ser estabelecido um período de tempo específico em que ΔF deve ser nível de limiar. O período de tempo pretendido é relevante porque a endogamia não pode ser evitada ou limitada indefinidamente, especialmente em populações pequenas, e em algum momento todos os animais estarão relacionados aumentando inevitavelmente a endogamia. Mutações podem compensar parte da perda em heterozigosidade, mas isso acontece em um ritmo muito lento. A endogamia sempre é acumulativa, mas a taxa de endogamia precisa ser limitada a fim de manter a diversidade em um nível que a variação genética ainda estará presente e os animais possam responder às mudanças no ambiente e seleção. Sem variação genética, os animais não podem se adaptar a essas mudanças (MACKINNON, 2003, pg. 12).

O método mais estudado para o manejo da endogamia em populações bovinas tem sido maximizar a resposta de seleção a um nível aceitável de ΔF (Weigel, 2001; Klieve et al., 1994; Quinton et al., 1992 apud MacKinnon, 2003, pg.12). Um aumento de menos de 1% de coeficiente de consanguinidade média por geração é geralmente considerado aceitável para a maioria das populações. Burrows (1993, pg. 746) ao citar Falconer (1960, 1973) sugere que o coeficiente de consanguinidade não poderia exceder 1,5% por geração.

Estudo efetuado por Weigel e Lin, demonstra claramente o importante papel que a seleção de acasalamentos informatizada pode desempenhar na redução da endogamia e aumentar a lucratividade agrícola. Uma dificuldade pode ser a disponibilidade de arquivos de pedigree (inter) nacionais completos. Dados incompletos de pedigree para vacas reduzirão os benefícios econômicos da seleção de acasalamentos. Talvez resultados dos estudos de endogamia podem ser usados para motivar os produtores a melhorar o sistema de controle de pedigree. Contudo, programas de acasalamento não podem resolver a longo prazo problemas de endogamia ou diversidade genética ao nível da população.

Weigel (2001, pg. 183) conclui que a endogamia é primariamente função da intensidade da seleção, ao invés do tamanho da população. As taxas atuais de endogamia e estimativas do tamanho efetivo da população em populações comerciais de gado leiteiro são alarmantes, e que a manutenção a longo prazo da diversidade genética dependerá sobre métodos para minimizar as relações genéticas entre indivíduos selecionados.

Restringir a taxa de endogamia da população pode ser feita indiretamente, reduzindo a peso dado à informação da família na etapa de seleção. Métodos que gerenciam uma população no nível animal incluem o acasalamento compensatório, isto é, acasalamento entre machos com alta média de coancestral e fêmeas com baixa média de coancestral. Todos os processos de seleção e alocação de machos e indivíduos do sexo feminino em pares de acasalamento é referido como seleção de parceiros. Os critérios para escolher pares de acasalamento podem ser uma função de um grande número de variáveis, incluindo o mérito genético esperado e endogamia da progênie,

consanguinidade entre os pais usados no conjunto de acasalamento, o número de vezes que o pai recebeu um par de acasalamento e probabilidade de herdar um homozigoto letal recessivo (HOWARD, 2017).

Vários métodos foram desenvolvidos para gerenciar os níveis de endogamia dentro de uma população baseada em pedigree ou mais recentemente informação genômica. Uma ressalva na maioria de todos esses métodos é a falta de flexibilidade. Um grande número de fatores além dos níveis de endogamia entram em jogo quando escolher touros de IA e animais de reposição dentro de um rebanho, incluindo preferência de criadores e características não lineares como conformação do corpo e restrições econômicas. O uso de informações genômicas para gerenciar uma população fornece uma grande oportunidade aos criadores para acelerar o melhoramento genético e minimizar a efeitos associados a níveis elevados de endogamia (HOWARD, J.T. 2017).

2.13 Raça Chillingham

Quando se fala em consanguinidade e suas consequências, é sempre interessante citar a raça bovina Chillingham. Estes bovinos são o melhor exemplo de consanguinidade em uma população de uma espécie de animais de grande porte. Segundo informação contida no site da Chillingham Wild Cattle Association (2019), talvez por 700 anos esses notáveis animais habitam o Chillingham Park. Isolados de todos os outros rebanhos, são totalmente endogâmicos, mas permanecem aptos e saudáveis, uma situação única, sem paralelo em qualquer animal selvagem em qualquer outro lugar do mundo. Os animais também são completamente selvagens e permanecem intocadas desde os tempos medievais, então seu comportamento é inteiramente natural e pode nos dar uma visão do comportamento do gado selvagem ancestral já extinto.

O Chillingham Park foi fechado no século 13, e quase certamente o gado que foi contido no parque pertencia ao tipo de bovino branco que vagava pelas florestas da Escócia e norte da Inglaterra (ALDERSON, 1997, pg.95). Craddock (2004, pg.23) descreve que os atuais bovinos de Chillingham são

descendentes diretos do antigo bovino selvagem, o qual vagava no condado a centenas de anos atrás. O Chillingham pode ter sido fechado no parque de 147 hectares após o ano de 1200. Eles são selvagens mantendo o padrão natural de comportamento. O rebanho está fechado dentro da área do parque natural e são, em termos, virtualmente idênticos como resultado da consanguinidade.

No período de 1225-1250 um muro foi construído ao redor da propriedade de Chillingham, e de acordo com a lenda um rebanho de bovinos selvagens brancos foi aprisionado. Entretanto os primeiros relatos escritos do gado White Park de Chillingham é de 1699. Ademais há relatos da introdução de bovinos ao rebanho durante o século XVII (FELIUS, 1995, pg. 72). Alderson (1997, pg.96), nos diz que os primeiros relatos do gado Chillingham foram descritos no final do século 17, algo como 400 anos após a data adotada.

Conforme relata a Chillingham White Cattle Association (2019), desde 1860, registros são mantidos sobre o comportamento reprodutivo e os números do gado Chillingham. O sexto Conde de Tankerville começou a observá-los mais de perto seguindo os conselhos de Charles Darwin.

Craddock (2004, pg.24), descreve que o rebanho conta com 51 animais, o mais alto nível em uma década. A vida não é tão calma para esta ilustre raça, pois a população caiu para 13 animais na primavera de 1947 após um severo inverno. A raça enfrentou outros problemas, notavelmente a ameaça da Febre Aftosa. Durante o foco de 2001, a Febre Aftosa chegou a 16 km do rebanho, colocando a raça em real risco de ser extinta, isto só foi menos pior do que o surto de 1967, quando os focos chegaram a 3 km do rebanho. Felius (1995, pg. 72), conta o mesmo ao dizer que ocorreram várias situações que ameaçaram a sobrevivência do rebanho. Em janeiro de 1947, durante 60 dias de neve, dos 34 animais existentes, apenas 8 vacas e 5 touros sobreviveram. Novamente, em 1967 um novo desastre próximo, um surto de febre aftosa chegou a 3 km do parque.

Segundo dados da FAO (2019), no ano de 2017 haviam 28 animais Chillingham existentes no parque localizado no Castelo de mesmo nome.

Alderson (1997, pg.97) caracteriza brevemente problemas encontrados nos animais Chillingham, onde novilhas geralmente não emprenham antes dos

4 anos de idade, e isto pode estar relacionado a baixa fertilidade. Hipoplasia testicular e monorquidismo foram notados, e exames veterinários em vacas abatidas mostravam anormalidades reprodutivas herdadas. Não foi determinado que a perda de tamanho é devido a depressão por consanguinidade ou por uma adaptação ao ambiente desfavorável. Há uma alta taxa de mortalidade entre os animais jovens. Isto pode ser causado por maltratos infligidos pelos animais mais velhos, mas de outra forma pode ser um sintoma da depressão endogâmica. Porém, Felius, (1995, pg. 72), mostra que estes problemas referidos sejam possivelmente devido a forte consanguinidade, mas também podem ser resultantes das baixas condições alimentares do parque causando uma diminuição em tamanho do gado.

Felius (1995, pg. 72) diz que devido à forte consanguinidade, especialmente após 1948, o gado Chillingham se tornou um grupo sanguíneo único. E a Chillingham White Cattle Association (2019) cita que os animais são considerados uma maravilha científica; a consanguinidade ao longo da história é bem conhecida por levar à extinção devido ao pequeno pool genético que os animais compartilham.

A Chillingham White Cattle Association (2019), ainda conclui que estudos com a mais moderna tecnologia de DNA mostram que o gado tem um grau de uniformidade genética excepcionalmente alto. No entanto, ainda existe uma pequena quantidade de variabilidade genética entre os indivíduos. Ainda não sabemos se isso é resultado do acaso ou se está de alguma forma relacionado à sobrevivência dessa população única; no entanto, o Chillingham Wild Cattle conseguiu sobreviver apesar disso, e o rebanho continua a crescer.

Conforme Felius, (1995, pg. 72), já havia ponderado sobre as condições alimentares pobres do parque, a Chillingham White Cattle Association (2019), efetuou um estudo realizado com dados do período de 1947 a 2008. Desde então, mudanças no manejo do rebanho têm surtido efeito, o que melhorou a sobrevivência dos terneiros. A remoção de um rebanho de ovelhas que costumava dividir o parque e a introdução de um regime de alimentação de feno mais eficaz, causou um aumento no número de crias nascidas no inverno ano a ano. Estes animais foram concebidos 9 meses antes, na primavera, e é evidente

que os nascimentos em épocas mais quentes e um início mais precoce da disponibilidade de pastos estão trazendo o gado à condição de reprodução mais cedo.

Finalmente, a Chillingham White Cattle Association (2019) relata que no *Journal of Animal Ecology* da British Ecological Society, uma equipe de ecologistas, liderada pela Dra. Sarah Burthe, do Center for Ecology e Hydrology, menciona que “os dados do gado de Chillingham são únicos e, até onde sabemos, o mais longo conjunto de dados de fenologia de mamíferos do mundo”.

Não havia bovinos do gênero *Bos* na América do Sul antes do início do século XVI. Bovinos foram primeiro importados pelos Espanhóis desde a Ilha de Hispaniola para a costa norte da Colômbia e Venezuela (PAYNE e HODGES, 1997, pg.186). Conforme cita Primo (1992, pg.421) os bovinos Crioulos americanos descendem diretamente dos animais que chegaram na segunda viagem de Colombo em 1493. E, Athanassof (1941, pg. 176) diz que a semelhança entre o gado nacional e o português é surpreendente.

O gado Crioulo de origem ibérica dominou a pecuária nacional por mais de 300 anos tendo em vista sua adaptação ao clima de todo território brasileiro. Santos (1988, pg. 19) diz que no final do século XIX, por volta de 1870, as raças zebuínas foram introduzidas no Brasil, desta maneira dominando o cenário pecuário através da absorção das raças crioulas existentes.

As raças de origem britânicas, dentre elas o Shorthorn, foram importadas para a Argentina em 1823 (PORTER, 1991, pg.55), e Uruguai em 1887 (SCSU, 1994, pg.13). Portanto, se acredita que a introdução dos primeiros animais da raça Shorthorn, ocorreram no estado do Rio Grande do Sul, possivelmente logo após 1880. Elias (2006, pg.107) conta que o primeiro registro da raça no Brasil se deve a um touro nascido em 1897, de procedência inglesa.

As primeiras importações de ovinos Romney Marsh ao Uruguai foram em 1904. O primeiro animal nascido no Brasil em 1924, contudo, há informações que a raça Romney Marsh possivelmente tenha sido introduzida

em território brasileiro através do estado do Rio Grande do Sul já na década de 1910.

Segundo dados oficiais, obtidos no censo pecuário de 2017 o Brasil possui 214.899.796 cabeças de bovinos (IBGE, 2019). As raças zebuínas têm uma importante parte na produção de carne e leite no Brasil. Uma estimativa de 80% população é composta por raças zebuínas e cruzas com raças zebuínas (SANTANA JR. ET AL., 2016, pg.6), tendo em vista que o Brasil é um país tropical na maioria de seu território. O clima mais ameno e propício do sul do Brasil fez com que as raças de origem europeia concentrassem sua criação nesta região.

2.14 Generalidades sobre consanguinidade, seleção e conservação de raças

Muitos estudos têm sido feitos com o tópico da conservação de pequenas populações com um mínimo de consanguinidade (TRINDERUP et al., 1999, pg.99). Além disso, uma limitação mais ou menos intensa no número de animais progenitores selecionados conduz inevitavelmente ao acasalamento de animais com ancestrais comuns e, portanto, também à consanguinidade (SERRANO et al. ,1996, pg.96). Vários métodos para a conservação da diversidade genética animal têm sido desenvolvidos. A exemplo, estocagem criogênica é um método de conservação livre da interferência humana (Bodó, 1990 apud TRINDERUP et al., 1999, pg.99).

A consanguinidade pode resultar de acasalamento intencional ou não intencional de parentes próximos (SERRANO et al. ,1996, pg.96). A criação de gado baseia-se na seleção de animais progenitores especialmente adequados para a formação da geração seguinte (SERRANO et al. ,1996, pg.96). O registro anual de fêmeas calculado em ambas as bases, registro por ano e média de três anos, é a mais acurada indicação da variabilidade da população em muitas circunstâncias (ALDERSON, 2003, pg.5).

A maioria dos autores sugere a divisão da população em grupos de fêmeas e a rotação dos machos entre os grupos em um esquema de

acasalamento circular (Chevalet e Rochambeau, 1985 apud TRINDERUP et al., 1999, pg.100).

Era esperado que, se houvesse diferenças nas tendências de consanguinidade entre os quatro tipos de acasalamentos testados, esta seria pequena. No que diz respeito aos níveis de consanguinidade se pode concluir que não é importante que os criadores sigam um estrito plano para a troca dos machos contanto que eles sigam as diretrizes propostas: minimizando a variação do tamanho dentro da família e evitar as flutuações no tamanho da família. O tamanho da tendência de consanguinidade encontrada nestas simulações está por volta de 0,5% é aceitável em qualquer plano de acasalamento, pois com tão baixo aumento na consanguinidade é possível a seleção de animais que mostrem depressão endogâmica (TRINDERUP et al., 1999, pg.103).

Procedimentos para identificar e categorizar as raças ameaçadas de extinção tem sido desenvolvido de forma não consistente (ALDERSON, 2003, pg.1). O Rare Breeds Survival Trust Watchlist é um documento que mostra a raridade das raças de animais domésticos nativos do Reino Unido (RBST, 2019).

A cada ano, o RBST coleta dados de mais de 130 associações de raça, incluindo os números de machos e fêmeas registradas. Estes dados são usados para estimar, através de um multiplicador, o número de fêmeas registradas no Reino Unido para cada raça. A finalidade é categorizar cada raça em uma escala de 1 a 5 na Watchlist (RBST, 2019).

O posicionamento de uma raça na Watchlist pode não estar totalmente definido pelo tamanho da população das fêmeas adultas registradas, pois os limites numéricos servem como diretriz. Fatores genéticos populacionais, como endogamia e erosão genética, e tendências atuais na densidade e distribuição da raça, como a concentração geográfica em uma pequena área, podem significar que uma raça será altamente vulnerável a surtos de doenças, e assim também são incluídos na avaliação de risco (RBST, 2019).

Na atual Watchlist, a Shorthorn está classificada como “fora de risco”, pois possui mais de 1.500 fêmeas adultas em registro, da mesma maneira que

o Romney Marsh, que possui mais de 3.000 fêmeas adultas em registro. Enquanto que a população original de Dairy Shorthorn e a Northern Dairy Shorthorn são classificadas como “crítica”, ou seja, menos de 150 fêmeas adultas em registro (RBST, 2019). Segundo a FAO (2019) no ano de 2008 a raça Northern Dairy Shorthorn possuía apenas 37 fêmeas registradas, em 2013 sua população caiu para 11 animais, sendo classificada como em sério risco. A população de Dairy Shorthorn do Reino Unido em 2002 contava com 3.500 fêmeas em registro, já em 2014, seu efetivo aumentou para 9.009 fêmeas registradas. Similar movimento ocorreu com o Dairy Shorthorn Original Population, ou seja, animais que não possuem sangue de outras raças em sua composição. No ano de 2016 contavam com apenas 39 animais, já em 2017 o efetivo aumentou para 53 fêmeas, graças aos trabalhos de conservação entre criadores que iniciaram a usar técnicas de biotecnologia como a transferência embrionária e a fertilização in vitro para resgatar a população original.

Dados obtidos junto ao DAD-IS da FAO em 2019 referentes à raça Shorthorn mostram que no Reino Unido a população passou de 7.202 fêmeas (2012) para 8.752 (2017). No Uruguai consta como possuindo 68.987 animais (2016), porém estes seriam dados referentes à rastreabilidade e incluem todos os animais relatados como “Shorthorn”. Na Argentina não há números para a raça, mas em recente senso entre criadores se chegou a uma quantidade estimada de 2.000 a 3.000 ventres Shorthorn puros. Os dados para a raça no Brasil, mostram 2.857 fêmeas para o ano de 2018, mas se sabe com extrema confiança que não existe tão grande número de ventres Puros de Origem no país.

Dados referentes à raça Romney Marsh apontam uma população de ventres de 2.881 animais em 2018 no Brasil. No Uruguai uma população de 311.627 (1980) e 190.584 (2019). Na Argentina 875.000 (2003), no Reino Unido 2.900 (2013), 13.423 (2017) e para a Nova Zelândia não há dados referentes a população da raça.

Conforme cita Serrano et al. (1996, pg. 96) pouca investigação sobre consanguinidade em bovinos de corte pode ser encontrada. Sendo que ainda

mais raros ou inexistentes são os trabalhos de consanguinidade na espécie ovina.

Para dificultar ainda mais as análises de consanguinidade das populações, Olori e Wickham (2004, pg. 41) citam que pedigrees com falhas podem resultar baixos coeficientes de consanguinidade falsos e, portanto, baixas medias de relação de parentesco (BOICHART, MAIGNEL e VERRIER, (1997) apud MUASYA (2013, pg.128). O nível de consanguinidade de uma população pode ser subestimado onde a informação dos pedigrees é incompleta. Assim como, o tamanho efetivo poderia, de outra maneira, ser superestimado após um número de gerações com pedigrees incompletos.

Portanto poucos são os livros de registro que possuem pedigrees completos em razoável extensão, e desta maneira fornecer uma visão mais real sobre a endogamia nas populações com registro genealógico. Olori e Wickham (2004, pg. 41) citam que é importante que os pedigrees de todos animais na população sejam conhecidos. Ainda alegam que animais na população sem pedigree são retirados se o pedigree não pode ser obtido. Pedigrees com falhas podem resultar baixos coeficientes de consanguinidade falsos e, portanto, baixas medias de relação de parentesco. Smith et al (1998) em seu trabalho com gado leiteiro nos diz que para um exato cálculo do coeficiente de consanguinidade é requerido um completo pedigree de uma razoável base de dados. Conforme Serrano (1996, pg. 98), uma comparação direta de consanguinidade determinada com os resultados de outras publicações é frequentemente muito difícil, devido ao número de gerações em questão é diferente ou não é dado, e a integralidade dos pedigrees varia em alto grau.

2.15 Consanguinidade na literatura científica

Hall e Schalles (1976) efetuaram um estudo com duas linhas endogâmicas de Shorthorn em 1950 para avaliar a endogamia. Análises de dados de produção pós-desmame para as quatro primeiras gerações de endogamia indicam que a endogamia em terneiros diminui o escore do animal de um ano, o ganho médio diário e o peso por dia de idade, mas não a

eficiência alimentar. Os efeitos da depressão de crescimento foram relativamente menores. A endogamia nas mães dos terneiros não afetou significativamente nenhuma dessas características. Observações até o momento indicam que a endogamia leve não causará a deterioração de características de aptidão em bovinos de corte.

Um dos raros trabalhos do tema com a raça Shorthorn foi efetuado por Trinderup et al. (1999, pg.30), onde os autores analisaram a população de Danish Shorthorn. O número de animais na população de estudo, animais vivos no ano de 1997, foram 104. A média do coeficiente de consanguinidade na população de 1997 foi de 4,1%, variando de 0 a 35,6%, e a população pode ser traçada de uma a sete gerações (TRINDERUP et al., 1999, pg.30).

Martins et al. (2001, pg.474) ao estudar a consanguinidade de 3.291 indivíduos da raça Shorthorn nascidos no Brasil em um período de 12 anos, encontrou um coeficiente médio de consanguinidade de 0,067% para os machos e 0,045% para as fêmeas.

Estudo realizado por Piccoli et al. (2014, pg. 1923) com dados da raça Shorthorn do Herd Book brasileiro nascidos até 2010, ao analisar 37.751 dados da raça Shorthorn encontrou uma taxa média de consanguinidade de 1,6%, com 18,55% dos animais com alguma porcentagem de consanguinidade. Enquanto que, para as raças Aberdeen Angus, Devon e Hereford, respectivamente com 175.179, 61.295 e 245.942 dados e uma consanguinidade média de 1,38%, 2,82% e 1,16%. Os animais analisados que apresentaram algum grau de consanguinidade foram 60,68%, 73,58% e 23,90% respectivamente.

Okamura et al. (2015, pg.31), ao estudarem os registros da população referência entre 2006 e 2013 da raça Senepol criada no Brasil, encontrou um coeficiente médio de consanguinidade de 1,95%, e de 1,15% na população completa. Ainda citou encontrar 96% dos animais da população referência ser endogâmicos e um coeficiente máximo de consanguinidade de 32,02%.

Cheong (1977, pg. 117) estudou a consanguinidade no ano de 1966 na raça Aberdeen Angus da Nova Zelândia, e encontrou um coeficiente de 1,8%. O mesmo autor citando McPhee e Wright (1925), estima consanguinidades

para vários animais importantes na história da pecuária. O Coeficiente de consanguinidade de 55,2% para Favourite (252), e 45,5% para Champion of England, ambos Shorthorn fundadores da raça no século XVIII. Ainda lista os Herefords Beau Brummel com 24,6%, Don Carlos com 22,6% e Anxiety com 18,5% (WILLHAM, 1937 apud CHEONG, 1977, pg.175), e Free Town Director com 9,2% (DAVEY AND BARKER 1963, apud CHEONG, 1977, pg.175). Os Aberdeen Angus Black Prince of Tillyfour com 29,1%, Grey Breasted Joke com 26,6% e Hanton com 23,4% (STONAKER 1943, apud CHEONG, 1977, pg.175).

Serrano (1996, pg.96), ao citar que Kidd et al. (1980) estimaram uma média do coeficiente de consanguinidade de 8% para a raça Retinta pela média da comparação observada com a frequência esperada da heterozigose em 7 co-dominantes loci para toda a população. Já, no corrente estudo, a base foram os animais de uma subpopulação de um programa de acasalamento que foi realizado desde 1988 na Província de Cádiz na Andaluzia, Espanha. No início do programa havia 9 rebanhos com 680 vacas e 54 touros participando. As vacas eram nascidas entre 1975 e 1987. A consanguinidade, maior que zero foi calculado para 60 das 472 vacas, correspondendo a uma porção de 12%. A média de consanguinidade calculada totalizando 1,57% (SERRANO et al. ,1996, pg.97).

Serrano (1996, pg. 97) detalha as frequências encontradas, vindo a mostrar que entre as fêmeas, os pedigrees mostraram 42,8% de completude até a terceira geração, 6% até a quarta geração e 0,2% até a quinta geração. A ocorrência frequente de coeficiente individual de endogamia muito alto. Onde 3,9% de todas as vacas mostram um coeficiente de endogamia de 25%, tal coeficiente de endogamia corresponde a um acasalamento entre pai e filha (SERRANO et al.,1996, pg.97).

Quintino et al. (2000) analisaram os dados da raça Marchigiana criada no Brasil. Do conjunto de dados, 7.067 animais apresentaram-se endogâmicos, com coeficiente de endogamia médio de 3.40%. Considerando-se o total de animais da população, o coeficiente médio de endogamia foi de 0,47%. O nível de endogamia das matrizes foi, em média, 0,54% quando considerado todo o

rebanho e de 3,16% quando apenas as mães endogâmicas eram consideradas. Das 7.278 matrizes da população estudada, 1.238 foram endogâmicas, ou cerca de 17% do total de vacas, um índice que pode ser considerado preocupante, principalmente porque dentre os principais pontos afetados pela endogamia estão exatamente as características reprodutivas.

Bovinos da raça Nelore tiveram um conjunto total de dados, de 88.733 registros de produção de animais nascidos entre 1984 e 1998, destes 3.300 animais apresentaram-se endogâmicos. O coeficiente médio de endogamia destes animais foi de 3,81% podendo ser considerando de pequena magnitude. O coeficiente médio de endogamia materna foi de 2,67%, obtido de 617 vacas endogâmicas (SHIMBO et al, 2000).

A raça Gir no Brasil teve dados analisados contendo 103.381 animais, os coeficientes médios de endogamia, para vacas, touros e terneiros foram 1,04; 0,96; e 1,66%, respectivamente, que podem ser considerados de baixa magnitude. Os percentuais de animais com F_x maior que 0 foram 11,65; 9,23; e 19,84%, sendo os valores médios de F_x dos indivíduos endogâmicos iguais a 8,97; 10,41; e 8,38%, respectivamente, para as categorias vacas, touros e terneiros (QUEIROZ et al, 2000, pg.1016).

Ao estudar os pedigrees para analisar a consanguinidade da raça Bonsmara na África do Sul, Mostert e Exley (2000, pg.89) usaram informações de pedigree da raça desde o ano de 1955. Um total de 969.889 animais, incluindo pais base foram incluídos. Destes, um total de 222.701 (23%) dos animais são consanguíneos. O maior coeficiente de consanguinidade foi de 37.55%. A média do coeficiente de consanguinidade para todos os animais foi de 0,64% e para os animais consanguíneos foi de 2,78%.

Análise preliminar de pedigrees da raça Kerry na Irlanda, usando registros até 1998, mostra que 12.664 ou 74% do total de animais do Herd Book eram consanguíneos com uma média de coeficiente de 0,089 ou 8,9%. A média de consanguinidade da população era 6,6% (OLORI e WICKHAM, 2004, pg.43).

Ambos autores ainda discutem que a consanguinidade estava aumentando a uma taxa média de 0,13% ao ano entre 1900 e 1998, e a

consanguinidade caiu de 16% em 1980 para 14% em 1998. Sendo, importante notar que a consanguinidade teve um aumento na taxa de 0,28% por ano desde 1985 (OLORI e WICKHAM, 2004, pg.44).

Splan e Sponenberg (2004, pg.13), ao estudarem a raça American Milking Devon, analisaram 1.310 animais nascidos até dezembro de 2000 a média de consanguinidade na atual população é de 4,37%. Isto é relativamente baixo comparado a muitas raças de animais domésticos, isto foi sem dúvida subestimado, devido a pedigrees incompletos. Coeficientes de consanguinidade individuais foram maiores nas vacas do que nos touros. O mais alto coeficiente para os touros foi de 26,56%, enquanto que o mais alto nível para as vacas foi de 42,75% (SPLAN e SPONENBERG, 2004, pg.13). A população atual pode ser traçada a 133 animais fundadores, 55 machos e 78 fêmeas, sendo definidos como animais fundadores aqueles que não se pode rastrear seu pedigree (SPLAN e SPONENBERG, 2004, pg.14).

Estudo efetuado com animais registrados da raça bovina Japanese Black entre os anos de 1985 e 1997 (NOMURA et al., 2001) encontraram um coeficiente de consanguinidade que aumentou de 2,3% para 5%. O tamanho efetivo da população foi de 17,2, que, segundo os autores, pode causar a redução do ganho genético futuro devido a diminuição da variabilidade genética e da depressão consanguínea.

Gutierrez et al. (2003, pg. 8) ao analisarem os pedigrees de oito raças espanholas: Alistana (Ali), Asturiana de la Montaña (AM), Asturiana de los Valles (AV), Avileña – Negra Ibérica (A-Ni), Bruna de los Pirineus (BP), Morucha (Mo), Pirenaica (Pi) e Sayaguesa (Say), encontraram um intervalo entre gerações para o ano de 1995 de 4,08 (Ali), 4,55 (AM), 4,31 (AV), 3,7- (A-Ni), 5,52 (BP), 4,76 (Mo), 6,08 (Pi) e 3,75 (Say). Ainda ao analisar o coeficiente de consanguinidade médio na população, média de consanguinidade nos animais endogamicos e a porcentagem de animais consanguíneos encontraram respectivamente 1,09, 9,98, 10,97% (Ali), 1,55, 9,86, 15,7% (AM), 0,48, 13,27, 3,7% (AV), 2,50, 7,80, 32% (A-Ni), 0,25, 14,22, 1,73% (BP), 2,20, 13,36, 16,5% (Mo), 1,60, 3,33, 48,3% (Pi) e 3,13, 13,56, 25% (Say). Quanto ao intervalo entre gerações Gutierrez (2003, pg. 18) conclui que as estimativas

dos intervalos de geração variam de 3,70 a 6,08 anos nas populações de referência. No parâmetro “pai-filho”, o intervalo de geração foi sempre menor porque os touros foram substituídos mais cedo.

Carolino e Gama (2007, pg. 13) ao estudarem a raça bovina Alentejana nascidos entre os anos de 2000 e 2003 encontraram um coeficiente médio de consanguinidade de 5,74%, sendo que, 53,7% dos animais estudados possuíam algum grau de endogamia. Os animais em questão tinham três gerações conhecidas. A população efetiva era de 23,3.

Reis Filho (2006) ao estudar a endogamia na raça Gir criada no Brasil, em uma base genética com 27.610 animais obteve uma média de 2,8% de consanguinidade na população, sendo que 60,44% dos animais eram endogâmicos com uma média de consanguinidade de 4,7%.

Mais recentemente Pienaar et al. (2015, pg.54) estudaram a raça Afrikaner, um bovino tipo Sanga de origem da África do Sul. O valor médio da consanguinidade calculada foi de 1,83 %. O valor de N_e para o estudo foi de 167,54. O alto N_e observado do Afrikaner pode ser o resultado de um projeto envolvendo introgressão de genes de Bonsmara na raça Afrikaner por vários criadores para melhorar seu desempenho.

Estudo realizado por Santana Jr. et al. (2016) demonstram que todas as raças de gado zebu brasileiras exibiram um aumento no conhecimento de pedigree ao longo dos anos. O coeficiente de endogamia médio variou de 2% a 3% na maioria das raças estudadas, com exceção da raça Indubrasil, na qual o coeficiente de endogamia foi superior a 6%. A percentagem de animais não endogâmicos variou de 11% na raça Guzerá a cerca de 40% na raça Sindi. A percentagem de animais com um coeficiente de endogamia superior a 25% foi muito maior no Indubrasil (3,07%) e no Sindi (1,74%) do que nas outras raças (0,22-0,58%).

Peixoto et al. (2010, pg. 170) em estudo com a raça Guzerá de linhagem leiteira, encontraram um coeficiente médio de consanguinidade de 1,1% para a população analisada, sendo que destes, 3.471 (2,4%) indivíduos apresentam algum grau de consanguinidade, com uma média de 2,5% para estes

indivíduos. O maior coeficiente encontrado foi de 31,7%. O tamanho efetivo da população foi de 77,36.

Luque et al. (2006, pg.10) ao estudarem o coeficiente de consanguinidade estimado de forma indireta a partir da heterozigotidade da raça bovina espanhola Pajuna, observada e esperada de 31 microssatélites de DNA analisados segundo a metodologia proposta por Nei e Kumar (2000), encontraram um F_x de 2,99%. Este valor mostra uma situação de variabilidade genética suficientemente alta para que sejam corrigidos os problemas que iniciaram a ocorrer com a Pajuna, como a falta de rentabilidade, isolamento geográfico e sanitário, dificuldade de obter machos reprodutores.

Solé et al (2017, pg. 13) compararam diferentes maneiras de medir o coeficiente de consanguinidade de 634 touros na raça bovina Belgian Blue, encontraram uma média de 4,2% para um coeficiente baseado em pedigree.

Ao estudar o progresso da consanguinidade na raça Hereford criada nos Estados Unidos, no período entre 1900 e 2001, Cleveland et al. (2005, pg. 995) encontraram um coeficiente médio de 9,8%. Cleveland et al. (2005, pg. 1000), encontraram o valor máximo de inbreeding foi de 76%. Mais de 95% dos indivíduos são consanguíneos em níveis baixos. A população efetiva na última geração foi de 85.

Lopa (2015, pag. 36) analisou a estrutura populacional da raça bovina composta Braford registrada no Brasil. Neste estudo o intervalo entre gerações foi de 5,8 anos. A idade média das mães ao primeiro parto era de 4,9 anos e dos pais 5,3 anos. Lopa (2015, pg. 47) encontrou coeficiente de consanguinidade médio de 0,06%, com um coeficiente máximo de 37%. De um arquivo populacional total, 8.675 (0,09%) são endogâmicos, sendo que nos últimos cinco anos, 5.254 (0,048%) animais apresentam algum grau de consanguinidade.

Kelleher et al. (2017, pg.19) ao analisarem e fazer a comparação do coeficiente de consanguinidade de nove raças taurinas através do uso de pedigree (F_{ped}) e de marcadores genômicos (F_{gen}) encontraram os seguintes resultados respectivamente, Aberdeen Angus (F_{ped} 0,002 e F_{gen} 0,115), Belgian Blue (F_{ped} 0,001 e F_{gen} 0,074), Charolês (F_{ped} 0,004 e F_{gen} 0,064),

Hereford (Fped 0,008 e Fgen 0,051), Holstein-Friesian (Fped 0,034 e Fgen 0,075), Jersey (Fped 0,020 e Fgen 0,173), Limousin (Fped 0,003 e Fgen 0,075), Montbeliard (Fped 0,015 e Fgen 0,120) e Simental (Fped 0,008 e Fgen 0,096). As medidas alternativas de diversidade genética são complementares entre si e, em geral, apoia a conclusão de que a origem geográfica das raças teve uma forte influência sobre a aparência genética atual das raças. O uso de SNP de alta densidade podem ser usados para quantificar a estrutura genética entre raças de gado e reduzir erros nos registros genealogicos (KELLEHER, 2017, pg. 21).

Os criadores de bovinos leiteiros mantem forte atenção tanto na produção quanto nas genealogias de seus rebanhos. Hansen et al. (2003, pg. 12) dizem que a indústria leiteira canadense, da mesma forma que em outras nações industrializadas, confia profundamente na inseminação artificial para difundir o uso de touros geneticamente superiores. Esta tecnologia tem permitido aos criadores atingir rápido progresso genético. Transferência de embriões, cada vez mais com base nas tecnologias in vitro, se tornaram muito comuns nos últimos 10 anos e iniciaram a mostrar seu impacto na população bovina leiteira. Isto é especialmente verdade para as raças bovinas mais populares, incluindo o Holstein e o Jersey.

A maior parte da endogamia tem origem na utilização intensiva de touros de Inseminação Artificial onde a intensidade de seleção é particularmente elevada (Swalve et al., 2003). Uma das consequências deste processo é fazer com que um número relativamente pequeno de touros, a maior parte com um forte relacionamento familiar, seja responsável pela manutenção de quase todo o efetivo (Miglior et al., 1992, pg.34).

Um outro estudo com gado leiteiro, agora nos Estados Unidos, mostra uma média do coeficiente de consanguinidade para animais nascidos em 1990. A raça Ayrshire com 4,7%; Pardo Suiço com 3%, Guernsey com 3,5%, Holstein com 2,6%, Jersey com 3,3% e Shorthorn Leiteiro com 4,1% (WIGGANS e VANRADEN, 1995, pg.1588).

Silva et al. (2001, pg. 475), ao analisarem os coeficientes de consanguinidade da raça Red Poll no Brasil, encontraram coeficiente de 1,33%

para o rebanho todo, sendo o coeficiente de 1,26% para os machos e 1,39% para as fêmeas.

Estudo feito por Hansen et al (2003, pg. 12) com as raças Canadienne, Brown Swiss, Holstein e Jersey no Canada mostram uma análise restrita aos anos de 1983 a 1994 para qual os registros de pedigree mais completos estavam disponíveis. O coeficiente de consanguinidade de 1983 a 1994 foram baseados no co-ancestral e variavam de 0 a 1,7% para o Canadienne, de 0,01 a 0,7% para o Brown Swiss, e de 0,9 a 4,8% para o Holstein. Correspondendo a uma tendência anual de 0,11%, 0,07% e 0,37% respectivamente em um período de 12 anos.

O tamanho médio da população e a taxa de consanguinidade no período de 12 anos foram 123 ± 5 e $0,412 \pm 0,015\%$ para o Canadienne, 975 ± 52 e $0,054 \pm 0,004\%$ para o Brown Swiss, e 2183 ± 92 e $0,024 \pm 0,001$ para o Jersey (HANSEN et al., 2003, pg.13). O coeficiente de consanguinidade entre os anos de 1987 e 1990 que constantemente aumentava a uma taxa anual de 0.21% para todos os touros Holstein no Canadá, foi menor que os 0,37% do presente estudo para touros Holstein de centrais de sêmen entre 1983 e 1994 (HANSEN et al., 2003, pg.17).

Swalve et al. (2003) ao estudarem bovinos leiteiros de Portugal citam que a proporção de animais endogâmicos foi de 8,6%, de 102.547 animais dos quais 33.938 eram machos e 68.609 fêmeas, com um coeficiente de endogamia médio de 1,8%, variando entre 0,0% e 37,5%. Comparativamente com a Alemanha, onde a proporção de animais endogâmicos foi de 80,3% (nascidos entre 1994 e 1997) com um coeficiente de endogamia médio de 1,93%.

Segundo Muasya (2013) ao estudar a população Holstein Friesian no Quênia, Encontrou a complementaridade dos pedigrees para a população Holstein Friesian no Quênia é de 67,1%. Media consanguinidade em toda população, 0,09%. Media nos consanguíneos 9,2%. Media individual, 1,7% (MUASYA, 2013, pg.132).

Melka et al. (2013. pg.481) ao estudarem cinco raças bovinas leiteiras no Canadá cita que o Milking Shorthorn apresentou uma maior flutuação nos

valores médias de consanguinidade nos últimos 10 anos, porém, o menor valor médio de consanguinidade entre todas as raças. Sendo que em uma população referência com dados de 2003 a 2007, o Milking Shorthorn teve uma média de consanguinidade por geração de 18% com 83% dos animais consanguíneos, enquanto que o Ayrshire teve 17% e 93%, o Pardo Suíço, 22% e 84%, Canadienne 26% e 93% e Guernsey 19% e 97%.

Mandal et al. (2005, pg. 1364) ao estudarem o efeito da consanguinidade em ovinos indianos Muzaffarnagari encontraram coeficiente médio de endogamia de 1,64 nos cordeiros e 0,90 nas ovelhas. Depressão por endogamia em cordeiros reduziram significativamente os pesos corporais, do nascimento aos 12 meses de idade, mas teve um efeito insignificante nos rendimentos de lã. Endogamia da ovelha teve efeitos não significativos no pesos corporais e rendimento de lã dos cordeiros em todas as idades (Mandal et al, 2005, pg. 1366).

Hussain et al. (2006, pag. 139) descrevem a análise de registros de pedigree de 17.250 animais com 17.030 cordeiros identificados para a extensão da endogamia revelou que 295 (1,70%) animais foram endogâmicos, o valor mínimo para endogamia coeficiente foi de 10,15 por cento e o maior nível foi 37,50 por cento. O valor mais frequente para esta categoria de animais foi zero. Uma das principais razões para o baixo nível de endogamia no rebanho eram pedigrees incompletos especialmente para os animais nascidos nos primeiros anos do período em estudo. A análise de pedigree revelou que a endogamia tinha um efeito significativo no peso ao nascer e peso aos 60 dias. A análise de pedigree revelou que a endogamia não tinha efeito significativo no peso aos 90 dias, desmame ganho médio diário de peso e pré-desmame.

Venkataramanan (2013) estudou a raça ovina Nilagiri do sul da Índia. O autor conta que a população da raça era de aproximadamente 8.000 animais em 1973, e foi reduzida drasticamente para menos de 1.000. Mesmo assim a análise mostrou uma consanguinidade média em toda população de 2,17%, com um máximo de 33,59% (VENKATARAMANAN, 2013, pg.14). A média de intervalo entre gerações, foi de 3,36 (VENKATARAMANAN, 2013, pg.13)

McHugh et al. (2013, pg. 19) analisando dados de cordeiros nascidos em 2012 de diversas raças ovinas criadas na Irlanda calculou um coeficiente de consanguinidade médio de 0,40 para Blackface Mountain, 2,00 para Belclare, 0,01 para EasyCare, 0,11 para Charollais, 2,31 para Galway, 0,17 para Lley, 0,46 para Suffolk, 0,86 para Texel, e 0,40 para Vendeen.

No Brasil caprinos da raça Anglo Nubiana tiveram dados de 1.104 animais analisados, apenas 134 são endogâmicos, correspondendo a 12,22% da população. O rebanho apresenta um F_x médio de 1,11% (NUNES et al., 2015, pg.3).

Santos et al. (2015) ao estudarem os registros de ovinos Santa Inês calcularam um coeficiente de consanguinidade médio de 0,79%, com um incremento de 1,11% de endogamia por geração. Os valores do tamanho efetivo (N_e) por geração completa oscilaram devido à variação do coeficiente de endogamia (F) ao longo das gerações. O tamanho efetivo (N_e) variou de 283,5 a 5,3, sendo o valor mínimo obtido na sexta geração. A explicação para a redução do tamanho efetivo (N_e) e aumento do coeficiente de endogamia (F) na raça Santa Inês no Meio Norte do Brasil está relacionada, principalmente, à diminuição do uso do número de animais para a reprodução.

Análise dos parâmetros genéticos de ovinos Morada Nova criados no estado do Ceará mostram que o intervalo entre gerações médio é de 4,98 anos e o N_e médio de 33,28.

Tino (2016, pg. 45) verifica que os ovinos da raça Santa Inês criados no estado do Sergipe apresentam um intervalo médio entre gerações de 5,75 anos. Enquanto que ao analisar dados da população criada no núcleo de conservação de ovinos em Sobral, estado do Ceará, as raças Santa Inês, Morada Nova e Somalis, encontra respectivamente 3,54, 4,08 e 3,40 anos para seu intervalo entre gerações Tino (2016, pg. 67).

O coeficiente de consanguinidade da população criada no núcleo de conservação de ovinos em Sobral, estado do Ceará, as raças Santa Inês, Morada Nova e Somalis, apresentam 1,8%, 0,78% e 0,78% respectivamente Tino (2016, pg. 68). O mesmo estudo mostra um ICG de 3,32 para a raça Morada Nova, 5,38 para a raça Somalis e 2,87 para a raça Santa Inês.

2.16 Shorthorn: A raça mãe

Um conceito básico que é introduzido por Sponenberg e Christman (1995, pg. 5) que define a raça como um conceito importante, e sua definição deve ser apreciada antes da criação ou conservação de raça pura ter muito significado. Portanto, Clutton-Block (1989, apud SPONENBERG e CHRISTMAN, 1995), uma raça é um grupo de animais selecionados para ter uma aparência uniforme que as distingam de outros grupos de animais da mesma espécie. Quando acasalados, membros de uma raça reproduzem o mesmo tipo de forma consistente.

A raça Shorthorn é o que se chama de uma raça landrace, isto é, foi um tipo de animal desenvolvido em uma determinada área geográfica (FISHER, 1993, pg.8). Sponenberg e Christman (1995, pg. 6) adicionam a esta primeira descrição que, “são mais variáveis em aparência que as raças com standard. A eles também falta uma formação formal e estrutura organizacional que é típica de uma raça definida”.

A raça bovina Shorthorn, como é conhecida hoje, foi desenvolvida durante o século XVIII quando a industrialização do Reino Unido levou a um rápido crescimento da população urbana, causando um aumento na demanda por produtos como a carne, gordura e leite (FELIUS, 1995, pg.129).

Muito do desenvolvimento inicial é conjuntura, devido à óbvia falta de documentação, mas é bastante certo que até a ocupação Romana o gado da Bretanha era do tipo *Bos longifrons*, animais pequenos e multi coloridos. Sucessivas invasões por povos europeus, Romanos, Saxões, Normandos, Dinamarqueses, trouxeram com eles gado do tipo *Bos urus* para comida, tração e riqueza. Estes eram maiores e gradualmente os pequenos bovinos ancestrais foram conduzidos para o oeste, mas neste processo ocorreram cruzamentos (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.11). Felius (1995, pg.129), cita que o tipo bovino de chifres curtos deve ser nativo às Ilhas Britânicas desde antes de 2.000 A.C., enquanto que colonizadores Anglo-saxões e Vikings podem ter também introduzido bovinos de chifres curtos.

Não foi até o século XVIII que a história do Shorthorn se tornou claramente registrada. Até então eles eram geralmente conhecidos simplesmente como raça Dutch encontrados apenas na costa leste da Inglaterra (PORTER, 1991, pg.54). A ilha britânica se tornou mais estável politicamente após a União Escocesa, então a população gradualmente se estabeleceu e expandiu, e uma maior pressão para melhorar o gado local ocorreu. No final de 1600 e início de 1700 o melhoramento dos animais de criação realmente teve início, mas foi ainda deficiente pelo problema de como prover alimento para os animais durante o inverno. Uma vez que isto foi superado o caminho estava aberto, pois até então apenas os bovinos menores tendiam a ser mais econômicos e conseguiam sobreviver (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.11).

O mais importante, entretanto, foi a importação de bovinos das terras baixas da Holanda para a costa leste da inglesa durante o século XVI. Documentos que datam do século XVII se referem a importação de gado da Holanda, o qual se tornou conhecido como Dutch ou Holstein. Eles tinham uma boa reputação e influenciaram ao gado local de chifres curtos de uma maneira positiva. No início do século XVIII diferentes raças locais de bovinos de chifres curtos, todas elas baseadas em bovinos locais cruzados com Dutch, se tornaram muito conhecidas (FELIUS, 1995, pg.129).

Uma das autoridades daquela época foi George Culley cuja publicação de 1785 se referiu ao “gado Dutch ou de chifres curtos que se difere de outros pelo pouco comprimento de seus chifres e, eram mais largos e mais grossos e produziam mais leite do que os outros tipos locais”. Ele também se referiu às importações da Holanda apesar do fato que Charles II havia proibido a importação de bovinos deste país, em decorrência da morte de 70.000 pessoas por Peste Negra em Londres entre 1664 e 1665. Em 1666 a “Murrain” ou “Red Water” como agora é conhecida a Praga Bovina (Rinderpest) era abundante na Europa, foi e ainda é, o mais destrutivo flagelo que afetou os bovinos europeus. Ocasionalmente a morte de mais de 200.000 bovinos apenas na Holanda em 1745 (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.12).

No início do século XVIII diferentes tipos locais de bovinos de chifres curtos eram bem conhecidos. O Holderness, bovinos que eram encontrados na península de Humberside. Bovinos Dutch importados para aquela área no final do século XVII foram os fundadores desta linhagem. Este gado era grande, um tipo leiteiro bem constituído, comumente de cor cinzenta ou salpicado de branco. Eram excelentes animais para leite, mas impróprios para engorde. Os açougueiros diziam que era a pior raça que já existiu! Uma desvantagem da raça era a dificuldade em parir. Por seleção estes animais foram melhorados e, finalmente, se tornaram parte da raça Yorkshire (FELIUS, 1995, pg.129).

O Tyneside Shorthorn era muito similar ao Ayrshire em 1790, e até 1887 existia uma raça Holandesa em Drenthe que parecia exatamente ao Ayrshire daquele tempo. O Drenthe, Hollander e Zeeland eventualmente desapareceram para a formação do Meuse-Rhine-Yssel (PORTER, 1991, pg.54).

O gado Yorkshire representava uma população transitória. Originalmente os bovinos de Yorkshire eram negros, aspados ou mochos. Havia sido absorvidos pelo Longhorn e posteriormente pelo Holderness, a qual resultou no Yorkshire melhorado. Eram bons animais de leite, e eram encontrados em muitas cidades produtoras de leite bem como em Londres. Este tipo leiteiro, era constituído de vacas bem estruturadas que produziam muito leite com pouca gordura. O gado foi absorvido pelo novo Durham, e posteriormente absorvidos pela raça Shorthorn (FELIUS, 1995, pg.129).

O gado Teeswater era comum ao longo do rio Tees, eram também descendentes do gado Dutch. Eram animais grandes e de boa constituição. A coloração da pelagem era parda, branca ou rosilha. Este gado foi o mais importante no estabelecimento da raça Shorthorn. (FELIUS, 1995, pg.129)

Durante o século XVIII bovinos locais de qualidade superior, conhecidos como Teeswater na região cerca de Darlington, e o Durham eram de grande reputação por sua conformação e habilidade leiteira, sendo sistematicamente melhorados por vários criadores notáveis. As técnicas seletivas de criação se tornaram o rascunho para outros criadores e asseguraram que o Shorthorn rapidamente destituiu-se o onipresente Longhorn de Bakewell. (PORTER, 1991, pg.54)

Robert Bakewell de Dishley, Leicestershire, que tinha uns poucos Shorthorn, mas principalmente Longhorns, e também ovinos Leicester e equinos Shire, foi o homem que tomou um incrível interesse por seu rebanho, sua filosofia e técnicas de criação, especialmente considerando que naquele tempo tais cuidados e ideias eram amplamente desaprovadas. Ele iniciou provando suas teorias, dizendo que seu principal objetivo era prover carne para uma população que estava crescendo com grande rapidez (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.12).

Ele iniciou testando a progênie como conhecemos hoje, como mantinha rigoroso registro e alugava seus touros por todo o condado, anotando o crescimento e pesos de suas progênies sob os diferentes tipos de solo, clima e sistemas de manejo. Dissecava carcaças criadas em diferentes circunstâncias, mas estava principalmente preocupado com suas políticas de acasalar seu rebanho, razão que o fez ser conhecido, e que eram radicalmente desprezadas por muitos naquela época (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.13).

As pessoas desaprovavam eticamente seus ensinamentos e suas ideias de acasalamento em linha, a consanguinidade “in and in” como era chamada naquela época, onde filhos eram acasalados com suas mães, pais com suas filhas e irmãos e irmãs relacionados, a fim de que um tipo de características fosse fixado (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.13).

Isto está estabelecido hoje que, as desvantagens de tais práticas de consanguinidade podem diminuir a fertilidade e o tamanho, falta de vigor ou a fixação não intencional de defeitos ou faltas. As habilidades em tais práticas dependem da seleção de um rebanho tão próxima a perfeição quanto possível, começando com uma política implacável de descarte e abate. É uma linha muito fina que alguns não querem seguir (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.13).

Os mais famosos e influentes criadores de Shorthorn foram os irmãos Colling da região de Darlington, Charles Colling nasceu em 1751 em Ketton Hall e Robert Colling nasceu em 1749 em Barmpton. Desenvolveram um tipo leiteiro usando, ironicamente, o método de consanguinidade estreita de Robert Bakewell para fixar as características de seus rebanhos (PORTER, 1991, pg.54).

O estabelecimento do Shorthorn moderno pode ser traçado até 1785, quando Charles Colling conseguiu persuadir John Maynard a vender sua vaca “Old Favourite” com sua cria fêmea “Young Strawberry”. Antes dos Irmãos Charles e Robert Colling, os famosos fundadores do Durham melhorado, iniciarem sua política de consanguinidade estreita, vários outros criadores eram conhecidos por ter excelentes bovinos de chifres curtos, a qual formaram a base para o primeiro herd book para bovinos, o Coate’s Herd Book em 1822 (FELIUS, 1995, pg.129).

Seguindo o exemplo dos Colling, a divergência de tipos foi continuada pela família Booth de Killersby e Warlaby, Yorkshire, que em 1790 iniciaram a criar Teeswater selecionados para carne, mantendo a criação até 1919. Thomas Bates de Kirklevington em Yorkshire, nascido em 1775, o selecionou para leite. Ambas as famílias fizeram total uso de genética do rebanho dos Irmãos Colling na primeira metade do século XIX (PORTER, 1991, pg.54).

As mais importantes vacas usadas por Charles Colling foram “Duchess”, “Cherry”, “Strawberry”, e “Old Strawberry”. Os irmãos Colling usaram o touro “Hubback”, o qual produziu “Foljambe”. Este touro foi acasalado com “Old Favourite”, e deste acasalamento nasceu a fêmea “Phoenix”. “Foljambe” foi acasalado com “Phoenix”, que veio a parir “Favourite”. Então “Foljambe” foi ambos, pai e avô do touro “Favourite”, o qual é dito ser o fundador do Shorthorn melhorado. “Favourite” se tornou pai de um touro ainda mais consanguíneo, “Comet”. Este touro foi o primeiro na história a alcançar o valor de venda de 1.000 guineas (SANDERS, 1918, pg.40; FELIUS, 1995, pg.129).

É importante reconhecer que nos séculos XVI e XVII houveram muitos outros que iniciaram a melhorar seus rebanhos, de outra forma, os Colling, Booth, Bates e, depois, Amos Cruickshank, poderiam não teriam sido aptos a encontrar a base para trabalhar seus rebanhos (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.12).

Amos Cruickshank e seu irmão Anthony, a qual eram donos de uma loja de meias e luvas em Aberdeen, Escócia, eram sócios, embora Amos fosse o criador e selecionador, Anthony providenciava a perspicácia financeira, e sem

dúvida muitos dos fundos necessários, pois ele era também banqueiro com muitos interesses financeiros (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.20).

Amos era o verdadeiro criador, porém ele não mostrava interesse em pedigrees, no sentido que ele preferia confiar mais em seu “olho” e não ser influenciado pela moda, como muitos criadores de sucesso, se manteve solteiro, para assim “deixá-lo com mais tempo para concentrar em seu gado” (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.20).

Com o auxílio de mestres como Amos Cruickshank de Sittyton, em Aberdeenshire, a linhagem Booth se tornou o Beef Shorthorn e encontrou sua origem na Escócia. Sua capacidade de rápido crescimento e precoce maturidade é ainda apreciada especialmente no exterior, existindo associações de criadores nos Estados Unidos, Canada, Argentina, Uruguai, Brasil, África do Sul, União Soviética, Nova Zelândia e Austrália. Na África do Sul o Beef Shorthorn é a vaca de maior eficiência dentre todas as raças do país. Na Austrália se adaptou naturalmente ao norte tropical onde sua população é alta (PORTER, 1991, pg.55).

As informações descritas por estes modernos autores são todas corroboradas por autores clássicos como Robert Bruce (1907), James Sinclair (1911), Alvin Sanders (1918)(1936), T.B. Marson (1946), onde é descrito de forma detalhada os passos que a raça Shorthorn sofreu em sua formação e fixação de caracteres, listando os criadores e principalmente, os animais que mais tiveram influência na raça que se conhece hoje.

Durante o século XIX o Shorthorn se tornou a raça mais popular na Inglaterra e foi dominante de forma esmagadora no rebanho nacional. Em 1916 o registro incluía mais de uma dúzia de tipos e a raça havia se espalhado pela Escócia, Irlanda, América do Norte, Austrália e Europa. A França importou considerável número de animais entre 1850 e 1860. No tempo da Primeira Grande Guerra o Shorthorn era descrito como a mais amplamente distribuída raça bovina do mundo, tanto em casa como no exterior, e excedia em muito as outras raças puras no Reino Unido, enquanto que a grande maioria dos cruzamentos comerciais dependiam do sangue Shorthorn (PORTER, 1991, pg.55).

Entretanto os números do Shorthorn puro no Reino Unido caíram drasticamente no final do século passado, passando de 25.000 registros nos anos 1950 para 3.000 nos 1980 (PORTER, 1991, pg.55). Em 1949 os registros atingiram seu ápice com 25.781 animais inscritos no livro de animais puros (FELIUS, 1995, pg.129). Em 1988 o Beef Shorthorn com apenas 260 registros anuais foi adicionado à lista de raças ameaçadas de extinção pelo Rare Breeds Survival Trust. No início dos anos 1990 o Shorthorn iniciou sua recuperação (FELIUS, 1995, pg.129).

Em 1958 a raça foi oficialmente dividida em um tipo leite/carne e outro carne, sendo que cada um com seu livro de registro próprio. Durante os anos 1950 e 1960 a raça teve um enorme declínio no Reino Unido (FELIUS, 1995, pg.129).

Porter (1991, pg.54) descreve que o Shorthorn é uma raça que foi amplamente exportada e tem desempenhado um papel importante na criação e melhoramento de muitas outras raças. Sua influência foi provavelmente maior que qualquer outra raça, exceto, talvez, pelo Frísio, e sua adaptabilidade é legendária. As qualidades dos tipos carne e leite do Shorthorn tem sido apreciada ao redor do mundo e tem sido usada extensivamente na criação de novas raças e melhoramento de raças já existentes. Ele tem se provado a ser adaptável a uma ampla variedade de ambientes e climas, apto a tolerar o calor e o frio e com uma alta resistência a doenças (PORTER, 1991, pg.57).

O padrão da raça Shorthorn no Brasil, descrito pela ANC Herd Book Collares (2019, pg.44), aceita as pelagens vermelha, branca, rosilha, vermelha e branca e, ainda, o vermelho pouco branco. Não se admite manchas pretas no couro ou pelos.

Elias (2006, pg.111) descreve que a raça Shorthorn tem por característica racial a presença de três tipos de pelagens, a vermelha, a branca e a rosilha, porém alguns criadores preferem dizer que a raça tem quatro pelagens, incluindo assim o padrão vermelho e branco. Fisher (1993, pg.64) diz que o Shorthorn desde o início tem sido multicolor. Algumas vezes, alguns criadores incitam que a raça deveria ser de apenas uma cor, e a cor escolhida seria o vermelho. Mas este plano de seleção nunca foi adotado pelos criadores

em geral. Ao longo dos anos o Shorthorn tem sido vermelho, branco e rosilho e os entusiastas da raça preferem manter assim. Uma quarta e verdadeira cor do Shorthorn é o vermelho e branco (FISHER, 1993, pg.68).

A pelagem branca é homozigota recessiva, não sendo um branco perfeito. Por esta razão, os animais podem apresentar pelos vermelhos nas orelhas e ao redor do focinho. Os rosilhos são os que apresentam uma mescla de pelos vermelhos e brancos (ELIAS, 2006, pg.112). Fries (1999, pg.48) cita que o Shorthorn, o Belgian Blue, o Texas Longhorn e o Florida Cracker carregam um gene *R*, responsável, quando em heterozigose, pela coloração rosilha. A coloração rosilha é uma mistura de pelos pigmentados com brancos. O rosilho é frequentemente usado como um exemplo de codominância nos textos de genética.

Quando os pelos brancos são mesclados com pelos de cor vermelha, temos o rosilho vermelho ou clássico, quando os pelos mesclados são brancos e negros, temos a pelagem moura, clássica das raças Blue Grey, Blue Albion ou nas cruzas entre Shorthorn e Aberdeen Angus.

Nos estados do oeste americano a moda por uma determinada cor de pelagem foi tão longe a ponto de ditar que apenas touros vermelhos poderiam ser usados como pai. Touro de coloração vermelha sólida eram preferidos pelos rancheiros e aqueles que produziam animais para reprodução naturalmente serviam ao querer de seus clientes. Isto foi apontado em vão, como um erro grave, estreitando ainda mais uma seleção que já estava sendo restrita devido aos modismos de certos pedigrees. Em vão foi apontado que no Reino Unido, a origem da raça, os rosilhos eram a coloração prevalente popular e que, mesmo touros brancos eram ocasionalmente usados nos rebanhos mais famosos. A busca por esta política de seleção levou ao sacrifício de muitos animais de grande qualidade (SANDERS, 1918, pg.795). Fries (1999, pg.34) diz que as mudanças nos programas de acasalamento na indústria bovina dos Estados Unidos em recentes anos têm levado a um interesse adicional sob o controle da coloração de pelagem em bovinos.

Os estudos do controle genético da coloração de pelagem em bovinos data de mais de 90 anos atrás com o estudo da herança de cores na raça

Shorthorn e seus cruzamentos por Barrington e Pearson em 1906 (FRIES, 1999, pg.34).

O gene que determina a presença de chifres é recessivo ao que produz um animal mocho e se ele possui um par de genes recessivos, este irá ser aspado. Homozigoto é quando há dois pares de genes iguais, e heterozigoto é quando há dois pares de genes misturados. Desta maneira, alguma progênie irá nascer mocha e outra irá nascer aspada, mas às vezes o processo é incompleto e, então os batoques (*scurred*) aparecem (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.46).

O padrão da raça Shorthorn no Brasil, descrito pela ANC Herd Book Collares (2019, pg.44), define que os animais podem ser aspados no Shorthorn e mochos no Polled Shorthorn. Admitem-se os botões (*scurred*), sendo os animais considerados mochos desde que sejam curtos e não haja aderência nos ossos da cabeça. Este fator “*scurred*” é determinado por outro gene que se manifesta em bovinos mochos (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.46).

Ainda, Elias (2006, pg.260) descrevendo o regulamento para inscrição em registro genealógico, cita o artigo 58º - parágrafo único - que os Certificados de Registro serão expedidos com a designação “mocho” para os animais mochos e com o sinal de asterisco (*) para os aspados filhos de mocho. E, no artigo 59º, que todo criador que mochar seus animais, deverá comunicar ao SRG na ANC Collares, para que em seus respectivos Certificados seja anotado a designação “mochado” assinalado como (D).

No ano de 1791 após dez anos criando Shorthorn e ter as melhores famílias estabelecidas em seu rebanho, o vizinho de Charles Colling, Col. O’Callaghan comprou duas novilhas mochas da raça Galloway. Ele concordou com Charles Colling em usar o touro Bollingbroke (HBI.56) para acasalar com estas novilhas mochas, combinado que, se a progênie fosse do sexo masculino, estes seriam de Colling, se fossem do sexo feminino, estas seriam de O’Callaghan. Uma das novilhas, de pelagem vermelha, pariu um macho de pelagem vermelha e branco rosilho em 1792, o qual se tornou propriedade de Colling imediatamente. Este animal foi chamado Son of Bolingbroke, sendo usado sobre várias fêmeas do rebanho. (SANDERS, 1918, pg.45). Objeto de

grande controvérsia nos primeiros dias da raça Shorthorn foi a introdução do cruzamento com Galloway na raça. Isto veio a ser conhecido como sangue “Alloy”. (FISHER, 1993, pg.81). De tempos em tempos na raça Shorthorn entre o acasalamento de animais aspados nasce um produto mocho. Isto tem sido mais frequente do que o esperado. O gene ou genes que governam o caráter mocho indubitavelmente devem a sua presença na raça Shorthorn ao cruzamento com Galloway usado inadvertidamente por Charles Colling nos dias iniciais do Shorthorn melhorado (FISHER, 1993, pg.84).

Embora os primeiros trabalhos no mochamento foi quase inteiramente feito nos Estados Unidos, as linhagens usadas vieram da Inglaterra. O termo “poll” ou “polled” significa um animal sem chifres, onde isso não é inteiramente bem-sucedido o termo “scurred” é usado, indicando que o animal ainda tem um toco rudimentar indicando um chifre não ligado ao crânio (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.46).

Felius (1995, pg.717) relata que, em Ohio e Virginia, gado Durham (Shorthorn) foi cruzado com bovinos mochos, possivelmente Suffolk Dun um dos precursores da raça Red Poll, por volta de 1870. Wood-Roberts (1995, pg. 46) ressalta que estas vacas eram chamadas “Mulley” americanas cruzadas com touros Shorthorn puros (SANDERS, 1918, pg.779).

Em Ohio, estes bovinos eram conhecidos como Polled Derby e, em 1889 esta linhagem foi reconhecida como Single Standard Polled Durham, para o qual a American Polled Durham Association foi estabelecida como um registro separado da Shorthorn Association no Estados Unidos (FELIUS, 1995, pg.717).

Em 1881, Dr. William Crane, de Idaho mostrou interesse nos possíveis benefícios do gado mocho e vários criadores expressaram um interesse similar. J.H.Miller, de Indiana ingressou neste demorado processo de absorção dos Durham, e este se tornou conhecido como Single Standard Polled Durhams. Entretanto, estes não eram puros, e sim animais absorvidos com o uso de touros puros Shorthorn. Conseqüentemente haviam muitos animais descartados por ter chifres, ou eram touros, que não poderiam ser mantidos (SANDERS, 1918, pg.779; WOOD-ROBERTS, 1995, pg.46).

Na população da raça Shorthorn mochos por mutação ocasionalmente nascem e vários criadores iniciaram a selecionar estes animais. J.H.Miller, de Indiana – USA, se tornou o criador líder de Polled Shorthorns, em 1873 ele comprou dois rebanhos notáveis. Miller usou seu touro mocho “Young Hamilton” nas melhores vacas Shorthorn escocesas possíveis, mas também usou touros aspados para melhorar a qualidade do rebanho (FELIUS, 1995, pg.717).

A mesma política de introduzir o gene mocho nos rebanhos Shorthorn de excelente qualidade foi seguida por outros criadores. Progênie mocha a qual tinham ambos os pais puros registrados eram denominados Double Standard Polled Shorthorn (FELIUS, 1995, pg.717). Uma linha pode ser traçada até Gwynne, da tribo Princess, uma das linhas mais antigas, indo até Medora por Horatio. Outra linha é descendente de White Rose, uma vaca inglesa por Publicola (1823), e a terceira era oriunda de Young Phyllis, padreada por Duke of Carlisle (1831), estas eram todas puras Shorthorn (SANDERS, 1918, pg.779; WOOD-ROBERTS, 1995, pg.46).

Na Columbian World Fair a linhagem foi totalmente reconhecida pela primeira vez e, em 1919 foi oficialmente nomeada Polled Shorthorn. Em 1923, a Polled Shorthorn Society assumiu a associação prévia, enquanto que os registros foram assumidos pela Shorthorn Breeders Association. Pelos anos 60, 4% da população americana de gado de corte era formada por Shorthorn, sendo que, destes, 35% eram de animais mochos (FELIUS, 1995, pg.717).

Uma preocupação real dos criadores britânicos era sobre a introdução de outra raça que poderia introduzir uma doença ou defeito genético. A raça Shorthorn tem sido extremamente limpa de qualquer problema ao redor do mundo. Por exemplo, ocorreram muitos problemas de nanismo em certas linhagens das raças Hereford e Aberdeen Angus. Por esta razão, entre outras, vários criadores tentaram usar Lincoln Red, outros usaram linhagens de Shorthorn leiteiras, outros trouxeram linhagens da Austrália ou Canada com algum sucesso. Os criadores da linhagem de leite usaram o Illawarra e também as linhas puras oriundas da Austrália e, de fato o mesmo tipo de experimento estava ocorrendo no Canada e Estados Unidos. A pesquisa por outras raças

adequadas também estava acontecendo, mas no caso do Beef Shorthorn inglês vários criadores optaram por usar a raça Maine Anjou, raça criada em 1860 no noroeste da França. Ele era 62% Shorthorn na sua formação, sendo a parte restante Mancelle, raça que foi extinta, mas que apresentava uma face branca semelhante ao Normando (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.188).

Existem vários fatores primários responsáveis por diminuir a diversidade genética animal. Dentre eles a introdução de germoplasma exótico seguido por uma rápida disseminação devido à cruzamentos indiscriminados. Outra seria a mudança de preferência dos criadores, que levam a preferir outras raças devido a influências sócio econômicas de curto prazo (FAO, 1998).

Em 1970 e 1980 ambos, o Dairy Shorthorn e o Beef Shorthorn, foram modernizados com sangue de outras raças (FELIUS, 1995, pg.129).

Wood-Roberts (1995, pg.189) comenta o progresso das introgressões no Shorthorn Leiteiro do Reino Unido, “O programa experimental com a linhagem leiteira está indo melhor que o esperado com mais de 3.000 animais sendo ofertados para o programa. Muito cuidado foi tomado para a seleção das raças envolvidas. O Frísio Vermelho e Branco era a raça leiteira mais popular no mundo, o Holandês Vermelho e Branco tem a linhagens mais leiteiras, o Dinamarquês Vermelho a raça com melhor produção de gordura no mundo, o Meuse Rhyne Yssel como o melhor produtor de carne, e o Simental Suíço como a maior e mais popular raça de duplo propósito”.

No Brasil, em meados de 1975, a raça teve seu registro genealógico aberto para a utilização de reprodutores Lincoln Red e Maine Anjou, sendo que o Lincoln Red foi amplamente utilizado em todas as cabanhas brasileiras (ELIAS, 2006, pg.109).

Ao passo que sangue de Maine Anjou francês foi usado para modernizar a raça, seus números tiveram um aumento (FELIUS, 1995, pg.134). Em 1976, em um esforço para melhorar a musculatura da raça, os diretores da Beef Shorthorn Cattle Society sancionaram o uso do sangue Maine Anjou na raça. O livro do rebanho foi fechado então para outras raças em 2001 exceto pela introdução através do registro por absorção (BSCS, 2019).

A um pedido dos criadores de Shorthorn, em novembro de 1975, a Sociedad Rural Argentina, por resolução de sua Comissão Diretiva resolve integrar a raça Lincoln Red ao Registro Genealógico Shorthorn. A partir de 1979 os exemplares Lincoln Red seriam julgados nas exposições juntamente com os Shorthorn e Polled Shorthorn, em categorias unificadas (TOCAGNI, 1980, pg.77).

Em 1939 E.L.C. Pentecost de Cropwell Butler, Nottinghamshire, Inglaterra, inaugurou o desenvolvimento de uma linhagem mocha de Lincoln Red. Ele iniciou pelo uso de touros Aberdeen Angus negros ou vermelhos em metade de seu rebanho de Lincoln Red. Após seguiu o retro cruzamento das fêmeas nascidas mochas com touros Lincoln Red de alta qualidade por cinco gerações. Após 17 anos deste plano de acasalamentos, o primeiro touro Lincoln Red mocho foi aceito pelo Ministério da Agricultura da Inglaterra. Hoje a maioria da raça é mocha (FISHER, 1993, pg.23).

Mr. Pentecost foi um pioneiro neste aspecto e foi o primeiro criador britânico a obter do Ministério da Agricultura uma licença para um touro mocho com uma raça aspada. Isto foi alcançado pelo cruzamento do touro Aberdeen Angus de pelagem vermelha, Red Eagle, com fêmeas Lincoln Red (SKEHEL, 1995, pg.27).

O Programa de Registro Apêndice - Appendix Registry (AR) da American Shorthorn Association está em andamento desde 1973, projetado para fortalecer a influência da American Shorthorn pelo aumento dos números e germoplasma através do uso de raças relacionadas e não relacionadas (ASA, pg.7). Raças relacionadas designadas pela American Shorthorn Association são Illawarra Shorthorn, Lincoln Red Shorthorn, Weebollabolla Shorthorn e Maine Anjou, que entra como tendo 75% de sangue Shorthorn (ASA, pg.9). Todo o gado que entrar no American Shorthorn Herd Book derivado do Appendix Registry Program levará um asterisco (*) em frente do seu número de registro (ASA, pg.11).

Após 2018 existem apenas 3 formas de registro na A.S.A.; o "Purebred", o registro do Shorthorn se estenderá e estará disponível para todos os animais do Shorthorn (15/16 e / ou 93,75% e maiores na concentração sangüínea) e a

cor deve ser uma das seguintes descrições: vermelho, vermelho e branco, vermelho com marcas brancas, rosilho ou branco. Um animal de qualquer outra cor descrita não será aceita para registro como raça pura, exceto que uma pequena mancha preta no corpo ou nariz preto não deve barrar o animal de ser registrado se este for puro; O “Shorthorn Plus” se estenderá e estará disponível para todos os animais Shorthorn com menos de 15/16 e ou 93,75% de concentração de sangue, este vai receber um asterisco na frente do número de registro. Isso vai aparecer no pedigree de toda a progênie descendente de pais de Shorthorn Plus. O asterisco será removido quando um Shorthorn atinge 127/128 de concentração sanguínea de Shorthorn, este nível sanguíneo representa 99,22% de pureza; e “Durham Red” consistirá em não menos que 25% e até 75% de sangue de Shorthorn, sendo o restante composto por Aberdeen Angus Vermelho. Os animais que satisfizerem os requisitos receberão um certificado de registro com o prefixo "DR" no início do número de registro do animal (ASA, 2018, pg.5).

No final dos anos 1960, na Irlanda, o governo ao ser alertado por produtores de carne, reconheceu que o declínio na raça Shorthorn era uma “coisa ruim”, então eles introduziram um grupo de estudo patrocinado pelo governo Irlandês o qual foi eventualmente relatado em 1968. O resultado disto foi a criação de um esquema patrocinado pelo estado com total cooperação da Shorthorn Cattle Society of Great Britain and Ireland e de seus criadores, cujo objetivo seria restabelecer o Shorthorn como uma raça maior e mais influente (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.60).

Wood-Roberts (1995, pg.60) ainda continua a citar, “O esquema buscou identificar e após propagar o tipo da raça mais adequado para as circunstâncias econômicas nacionais. Oficiais do governo e um grupo de criadores realizaram a seleção dos animais em conjunto. A seleção era rígida e a cada dez fêmeas inspecionadas apenas uma era aprovada. Os machos eram ainda mais seletivamente escolhidos”. Em 1970 um criador americano, que havia viajado para ver Simental Irlandês, ficou vislumbrado com o Shorthorn Irlandês no sudoeste, este foi o início de um renovado interesse pela raça, mas também de um renovado mercado de exportação”.

Conforme se pode checar em pesquisa online, o Shorthorn criado na Irlanda consta em quase totalidade dos pedigrees canadenses e americanos tal foi sua influência. Porém, um famoso criador que esteve envolvido nesta importação de animais no início da década de 1970, foi direto em sua opinião sobre os animais importados daquele país: “Eu terei que discordar, já que nunca considerei o gado irlandês como sendo de raça pura. Simplesmente porque não houve registros mantidos pela maioria dos criadores irlandeses por muitos anos, nem mesmo em décadas”.

Com respeito a um famoso rebanho irlandês que, é hoje facilmente encontrado nos registros norte-americanos, ele foi categórico: “Também me lembro de uma discussão com um grupo de criadores da Irlanda, em que estávamos discutindo sobre o rebanho Deerpark de propriedade dos irmãos Quane. Perguntei onde os Quanes haviam encontrado o touro Deerpark Improver, pois estes mantinham seu rebanho fechado há décadas e o Improver tinha um pedigree completamente diferente em seu lado paterno, sendo que havia apenas duas gerações! Eles me disseram que o pai de Deerpark Improver, chamado Clare Man, era um terneiro filho de um touro vermelho comprado em um leilão local. Minha teoria é que Clare Man era um touro aspado de pelagem vermelha, de um cruzamento que provavelmente consistia de Galloway com Shorthorn e possivelmente outras raças também apareciam em seus ancestrais.

Este criador do Canadá, responsável pela importação de animais da Irlanda, ainda diz: “Na época, achei que o gado irlandês deveria ter permanecido no livro dos Apêndices, e eu não estava certo de que eles deveriam entrar no livro fechado, simplesmente devido aos seus ancestrais serem desconhecidos e sem registros. Mas assim que as associações de raça permitiram que entrassem outras raças nos livros fechados, eu estava perfeitamente bem com essa decisão. Qualquer um que tenha sido um estudante de pedigree por qualquer período de tempo, sabe que tem havido infusões genéticas permitidas na raça Shorthorn (e TODAS as outras raças que eu possa adicionar), e algumas delas vieram pela porta dos fundos”.

Hoje, através de testes moleculares, se sabe que os animal Deerpark Improver possui gene para as doenças DS e TH comprovado por teste de dna, da mesma maneira que, hoje, os animais que possuem estes genes para DS, TH, PHA são descendentes de animais prefixo Deerpark ou de animais Maine Anjou.

Segundo MacEwan, um livro de registro genealógico – Herd Book – serve como um meio de registro oficial para animais de um tipo desejado e pureza de criação como um fato essencial (1982, pg.50).

A indústria de cavalos Puros Sangues Inglês teve seu registro aberto em 1791 por James Wetherby. Em 1822, Mr. Whittaker concordou em fundar o Herd Book com a condição que este fosse impresso em Otley, Yorkshire, e, com assistência de Mr. Paley, para ajudar George Coates e depois o filho de Coates terminou o trabalho (WOOD-ROBERTS, 1995, pg.19). O primeiro livro de registro para a raça Shorthorn, e de fato o primeiro do mundo, foi publicado em particular por George Coates em 1822 e a Shorthorn Society foi fundada em 1875 (PORTER, 1991, pg.55).

Em 1823 um touro Shorthorn foi exportado para Buenos Aires para iniciar uma longa história da influência do Shorthorn no negócio da carne na América do Sul (PORTER, 1991, pg.55).

O Herd Book para o Shorthorn nos USA foi publicado em 1854 (MacEwan, 1982, pg.52). O primeiro volume do Shorthorn Herd Book no Canadá foi publicado em 1867 (FISHER, 1993, pg.38). Corresponde ao senhor Leoncio Correa, a prioridade de haver inscrito em 12 de outubro de 1887 no registro genealógico da Asociación Rural Del Uruguay, dois touros importados da França (SCSU, 1994, pg.13). O primeiro volume do Herd Book Argentino foi em 1889 (TOCAGNI, 1980, pg.57).

A raça Shorthorn foi a primeira, dentre todas, a ter um produto registrado no Brasil. A primazia coube a Martim Silveira, criador radicado no município de Bagé, no Rio Grande do Sul, Brasil. O touro Count Barrington, de pelagem vermelha, nascido em 03 de abril de 1897 e registrado na Inglaterra sob o número de HBI.72.266, foi inscrito no HBB 1, em 22 de agosto de 1906 (ELIAS, 2006, pg.107).

A influência do Shorthorn atingiu seu apogeu ao redor do mundo durante o século XIX. Graças a sua ampla dispersão, a raça auxiliou no desenvolvimento de numeras raças no leste europeu, Américas e Austrália, incluindo algumas raças com sangue zebuino de grande sucesso. Se estima que o Shorthorn contribuiu para mais de 40 raças de todo o mundo (FELIUS, 1995, pg.129 e pg.133).

Algumas das principais raças criadas através de cruzamento com Shorthorn podem ser descritas como sendo Armorican (França), Australian Sahiwal (Austrália), Ayrshire (Escócia), Beefmaster (USA), Belgian Blue (Bélgica), Belmont Red (Austrália), Blue Albion (Inglaterra), Blue Grey (Escócia), Bonsmara (África do Sul), British White (Inglaterra), Burlina (Itália), Chinese Red Steppe (Mongólia), Droughtmaster (Austrália), Japanese Shorthorn (Japão), Japanese Black-Wagyu (Japão), Kurgan (Rússia), Lincoln Red (Inglaterra), Lucerna (Colômbia), Luing (Escócia), Maine Anjou (França), Mandalong Special (Austrália), Normando (França), Norwegian Red (Noruega), Sanhe (Mongólia), Santa Gertrudis (USA), Senepol (Ilhas Virgens), Taylor (Índia), Tagil (Rússia) (PORTER, 1991, pg.57).

O Shorthorn é reconhecido mundialmente por sua docilidade, habilidade materna, habilidade leiteira, ganho de peso, facilidade de parto, longevidade. Estas características fizeram com que a raça esteja presente na formação de mais de 40 raças bovinas (SANDERS, 1936; MACEWAN, 1982; CLUTTON-BLOCK e HALL,1989; PORTER, 1991; FISHER, 1993; FELIUS, 1995; ELIAS, 2006).

Recentemente os dados de marcadores moleculares estão auxiliando a confirmar as qualidades da raça Shorthorn para qualidade de carne. Baud et al. (1996, pg. 8) mostraram que o Shorthorn apresenta o mais alto nível de marmoreio dentre 16 raças puras e cruzas, com 84% dos animais com escore 2 ou mais para o sistema AUSMEAT, a raça colocada na segunda posição apresentou 71% dos animais com esta classificação. Outro trabalho científico usando marcadores moleculares, quatro marcadores para cada um dos caracteres marmoreio, maciez e eficiência alimentar. O Gene Star realizou os testes em 12.330 animais, a raça Shorthorn (Nº = 347) apresentou 96% dos

animais com os 12 marcadores moleculares presentes (JOHNSTON e GRASER, pg. 1922).

Estudo de Herring (2010, pg. 8), mostra a raça Shorthorn com o maior nível dentre as outras raças do estudo, sendo que o Shorthorn pontuou com 551 de índice, enquanto que a segunda colocada pontuou 541. A raça apresenta ainda a maior quantidade de animais classificados como CHOICE, 78%. Tais resultados foram obtidos seja em idade padrão de 426 dias, seja com gordura mínima padrão de 0,47 polegadas.

Estudos com marcadores moleculares são recentes no Brasil, e até o momento apenas um estudo utilizando a raça Shorthorn foi efetuado. Segundo Lara et al. (2008, pg.8), para o SNP5709 (SNP316), o alelo C, considerado favorável para maciez, não foi detectado no gado Nelore. Nas raças europeias (Angus, Hereford, Simental, Shorthorn), Caracu e cruzadas (An x Nel e RedAn x Nel), o alelo C ocorreu nas seguintes frequências: 0,131, 0,330, 0,0625, 0,350, 0,222, 0,320 e 0,208 respectivamente.

2.17 Raça Romney Marsh: um ovino carne que tem lã

Helman (1951, pg.383), diz que os primeiros ovinos Romney Marsh eram animais grandes, de corpo comprido e delgado, com membros compridos e de aspecto tosco, com lã de pouca qualidade, porém dotados de grande rusticidade adquiridos na luta contra fatores adversos da natureza. A NSA (1994, pg.108) diz que o Romney Marsh é um ovino de tamanho grande e que possui lã de mecha longa. Possui uma ampla cara branca, com um pequeno topete de lã. Ambos sexos são mochos. Enquanto que, Santos (2003, pg.271) cita como animal compacto e vigoroso, exibindo vivacidade e nobreza racial.

Quanto à origem, o Romney Marsh original foi desenvolvido nas terras baixas de Kent e Sussex, redondezas do Canal da Mancha. Ovinos tem sido familiar à região desde o século XIII ou antes. As condições sombrias e isoladas têm assegurado o desenvolvimento de uma raça rústica com uma constituição resistente (NSA, 1994, pg.108). Já, Santos (2003, pg.266) conta que é uma raça inglesa também conhecida pelo nome de Kent, que indica o condado pantanoso, de ventos fortes, chuvas pesadas e abundância de

forragens onde foi criada desde a antiguidade sem inclusão de sangue estranho. Os antecessores desta raça já foram criados na época das Cruzadas, vivendo sempre isolados das demais raças inglesas, tendo havido apenas uma tentativa de melhorá-lo com a introdução de sangue Leicester no século XIX, cujo resultado não agradou, descartando-se todas as crias (ALVAREZ, et al., 1986, pg.102; SANTOS, 2003, pg.266).

Na época de Richard Goord, de Milton, se dedicou em 1795 a melhorar por seleção e consanguinidade estes ovinos, conseguindo uma melhor qualidade de lã, se chamando de “Kent Melhorado” ou New Kent (HELMAN, 1951, pg.383). Clutton-Block (1989, pg.141) descreve que Goord introduziu sangue de New Leicester, mas que um pronunciado efeito na raça não foi atingido.

Helman (1951, pg.383) cita que na publicação “Reseña Agrícola” de 1896, se afirma que “as manadas de Kent possuíam não somente uma reputação já confirmada a princípios do século XIX, senão que, se conhecia possuidora de uma longa história. Estas ovelhas são notáveis porque chegam a um extraordinário grau de maturação precoce e porque produzem um velo grande de lã fina e muito comprida”.

Estas condições geográficas e climáticas foram responsáveis pelo desenvolvimento de algumas características específicas na raça Romney. São resistentes ao excesso de umidade, à aftosa e à verminose. O velo permanece saudável mesmo em condições adversas para a produção de lã. A raça Romney incorporou a palavra Marsh, que significa “pântano” como lembrança de sua origem (SANTOS, 2003, pg.266), ainda, a NSA (1994, pg.109), conclui que este ovino rústico tem uma natureza dócil e tolerante a sistemas de pastoreio intensivos.

Link (1938, pg.86) descreve o Romney Marsh como um ovino de cabeça larga e ampla, com perfil plano e poucas mechas de lã. Nariz grande e caracteristicamente negro, olhos grandes. Boca grande e forte, com lábios brancos. Orelhas largas, horizontais e recobertas de pêlos, as vezes com manchas pequenas negras, que se caracterizam por ser um defeito. Corpo cilíndrico, volumoso. Pescoço robusto, peito profundo, largo e comprido. Lombo

largo e bem musculoso. Garupa larga e ampla, as vezes um pouco caída. Costelas compridas e amplas. Ventre volumoso que se eleva um pouco em direção ao posterior. Cola grossa e baixa, faz com que a descida da garupa seja mais pronunciada. Pele rosada clara. Corpo liso. Membros bem desenvolvidos e musculosos. Patas ossudas e bem aprumadas, cobertas por pelos brancos, sendo que manchas negras são um defeito.

De fácil manejo, é sempre importante onde a mão de obra é escassa ou onde as habilidades do pastor estão em desenvolvimento. O Romney Marsh combina as qualidades de uma carcaça bem desenvolvida com excelente produção de lã, sendo adequada para acasalamentos puros ou cruzados, necessitando mínima atenção (NSA, 1994, pg.109).

Helman (1951, pg.401) diz que é sumamente prolífica, é corrente a produção de crias gemelares, sem ser raro os trigêmeos, que cria perfeitamente, pois as ovelhas têm abundante leite e são muito boas mães. Média de prolificidade de 130% a 170%. (ALVAREZ et al., 1986, pg.106; NSA, 1994, pg.109)

Os cordeiros são de maturação precoce e atingem seu desenvolvimento e terminação em curto prazo, pois são muito propensos ao engorde (HELMAN, 1951, pg.401).

Sua rusticidade natural é considerada como um de seus atributos mais valiosos, pois lhe permite viver em condições de clima e solo não propícios para a criação de ovinos, especialmente em se tratando de zonas úmidas e pantanosas (HELMAN, 1951, pg.400; ALVAREZ et al., 1986, pg.106).

Seu casco é de tamanho grande e natureza muito dura e forte, o que permite resistir ou ser pouco propenso a manqueira (footrot), que afeta com tanta facilidade a outras raças ovinas criadas em campos baixos (HELMAN, 1951, pg.400; ALVAREZ, et al., 1986, pg.106).

Típico animal de carne grande com boa carcaça. Animal de duplo propósito, com 60% para aptidão carne e 40% para lã grossa. Extremamente rústico, suporta bem as condições de campos úmidos. Cordeiros bastante precoces, de rebanhos bem definidos, chegam a pesar de 28 a 30 kg aos 5 meses, a campo (SANTOS, 2003, pg.271).

Para Oribe (1916, pg.212), a lã tem um valor especial por seu comprimento de mecha, finura e brilho. Velo de aspecto volumoso devido ao grande comprimento e relativa densidade das mechas. Cobre bem todo o corpo, mas o garreio não é abundante. As mechas terminam em ponta (SANTOS, 2003, pg.271).

A qualidade da lã é de cruza media 3 ou 4, com 44' a 50's. Finura de 36 a 42 micras. Mecha pouco aguda e lustrosa, de comprimento entre 12 a 16 cm. Velo em animais pedigree entre 10 a 12 kg, e 3 a 4 kg em manadas gerais (LINK, 1938, pg.87). A NSA (1994, pg.109), descreve um comprimento de mecha entre 12 e 18 cm; peso de velo entre 3 e 5 kg, graduação de Bradford entre 48's e 54's. Alvarez et al. (1986, pg.103) diz que o diâmetro da fibra está entre 28 e 33 micras e o comprimento de mecha entre 15 e 20 cm.

Quanto as características de lã, Santos (2003, pg.271) relata que o peso varia de 9 a 12 kg para os pais de plantel e 5 a 6 kg para os carneiros de rebanho. Ovelhas selecionadas atingem entre 3,5 e 5,5 kg e as comuns oscilam entre 3 e 4 kg. Nos machos o diâmetro médio das fibras é de 31 a 38 micrometros, de 48's a 44's na escala Bradford. Nas fêmeas é de 29 a 31 micrômetros, ou de acordo com a Norma Brasileira de Lã Suja, dá para os machos as finuras de Cruza 2 a Cruza 6 e para as fêmeas as finuras de Cruza 2 e Cruza 3. O comprimento de mechas atinge de 14 a 18 cm. As ondulações são bem acentuadas e largas, chegando a atingir 1,5 a 2 cm. Cor amarelo ouro, creme e preferencialmente branca. Tem boa suavidade e brilho acentuado. Boa uniformidade de finura. A lã se destina em geral para confecção de artigos grosseiros como pelegos, cobertores e ponchos.

Alvarez (1986, pg. 102) finaliza dizendo que sua produção de cordeiros precoces, seu bom rendimento de lã de finura media, sua notável prolificidade e, em particular, sua grande rusticidade que lhe permite viver em solos úmidos ou pantanosos, tem sido as causas determinantes de sua difusão mundial e de que se encontra adaptada em numerosos países. A NSA (1994, pg.108), também cita que os Romneys são uma das raças de terras baixas mais numerosas na Grã Bretanha. Muitos criadores a usam como raça terminal em

todas ou em parte do rebanho de fêmeas, concentrando na classificação de carcaças atualmente procurado pelas maiores redes de supermercados.

A orientação dada em sua criação na Inglaterra foi decididamente buscar um tipo de animal para carne, descuidando sua produção laneira, porém na atualidade a tendência imposta a raça na Nova Zelândia, responde a um ovino de “duplo propósito” (ALVAREZ, E.P. et al., 1986, pg.102).

Desde a formação em 1895 da UK Romney Breed Society a raça tem dados de exportação para 54 países. A gigante indústria ovina da Nova Zelândia tem sua origem no Romney (NSA, 1994, pg.109). As primeiras importações ao Uruguai foram em 1904 (ALVAREZ et al., 1986, pg.102).

A ARCO informa que em 1926 foi inscrito o primeiro animal no Brasil, sendo este, um macho nascido em 1924 de propriedade do Dr. Serafim Prates Garcia, de Santana do Livramento – RS. Contudo, se tem informação de criadores mais antigos que nos descrevem que a raça Romney Marsh possivelmente tenha sido introduzida em território brasileiro através do estado do Rio Grande do Sul já na década de 1910.

3. MATERIAIS E METODOS

No que concerne aos aspectos éticos na experimentação animal, observa-se que o presente estudo não possuirá implicações passíveis de serem apreciadas pela comissão de ética da instituição (Comissão de Ética em Experimentação Animal (CEEA) - UFPel). Este fato pode ser justificado em decorrência da utilização de informações constituintes de um banco de dados já consolidado, o qual possui registros da escrituração zootécnica de vários estabelecimentos pecuários. Isto posto, conclui-se que o escopo do trabalho será diverso da experimentação animal o que cessaria a utilidade de sua tramitação."

Os dados de pedigree usados na condução deste estudo foram obtidos junto às entidades delegadas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para a coleta, estruturação e manutenção da base de dados formadora do Arquivo Zootécnico Nacional. Deste modo as informações referentes à raça bovina Shorthorn foram obtidas junto à Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares (ANC Herd Book Collares), enquanto as da raça ovina Romney Marsh foram obtidas na Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (A.R.C.O.).

Para permitir uma análise mais completa da endogamia dos rebanhos, foram utilizados os dados contidos nos Livros de Registro Puro de Origem (PO). Os mesmos possuem número suficiente de gerações, bem como, quantidade de ancestrais para atender a necessidade de se conhecer os pedigrees de todos animais da população (OLORI e WICKHAM; 2004, pg.41).

Para evitar animais com duplo registro, todos foram escrutinados e possíveis erros foram corrigidos, de forma que os animais recebessem apenas o número de registro de seu país de origem.

Na raça bovina Shorthorn e ovina Romney Marsh cada animal teve coletado as informações de pai, mãe, sexo, data de nascimento e país de origem. Aos dados da raça Shorthorn foram ainda adicionados a pelagem e caráter aspado ou mocho.

Na raça bovina Shorthorn a população de referência principal constituiu-se de animais nascidos de 1906 a 2018. Assim, foram analisadas as genealogias de 29.723 animais, desde o registro de número um (HBB.1) inscrito em 1906, por ocasião da abertura do livro de registro genealógico no Brasil, até o HBB. 29.723.

Adicionalmente, para se ter uma melhor análise da endogamia e dos parâmetros genealógicos, foram inseridas as genealogias até a 5ª geração dos 77 touros inscritos como doadores de sêmen importado para a raça Shorthorn, os animais das raças Lincoln Red e Maine Anjou, introduzidos em meados da década de 1970, e as genealogias dos pais e mães de animais transferidos dos antigos livros do registro genealógico sul riograndense. A população chamada “total” constitui-se então de 34.533 indivíduos. Nenhuma diferenciação foi feita entre animais com e sem chifres.

A população total recebida da ANC Collares foi de 34.533 indivíduos. Este arquivo de dados foi utilizado para análises referentes aos parâmetros genéticos de toda a população (Tabela 9). A população designada como população referência total consta com um total de 30.356 indivíduos, a qual compõe toda a população da raça Shorthorn inscrita no Herd Book brasileiro que possui relação com os animais puros de origem deste estudo. E, por último, a chamada população referência principal é formada por 29.723 animais registrados no livro de Puro de Origem (PO).

Ao arquivo de dados das análises dos parâmetros genéticos foram adicionados na coluna de “indivíduo” os ancestrais de todos os animais que constam no arquivo usado para cálculo de consanguinidade. Isto se fez necessário para análise de parâmetros como pais fundadores, número de gerações conhecidas, animais fundadores, dentre outros. Por esta razão o arquivo utilizado atingiu mais de 34.500 animais.

O arquivo de dados utilizado para as análises de endogamia, o qual é referido como população referência total, é composto pelos animais inscritos no livro de PO, adicionado com os antepassados diretos usados em inseminação artificial e livro de registro sul rio-grandense. As análises referentes às frequências e as consanguinidades foram mantidas restritas apenas a

população PO. Desta maneira, se evita que dados demasiados, que não estão diretamente ligados ao estudo, interfiram nos resultados esperados, diluindo o coeficiente médio de consanguinidade da população efetivamente em estudo.

O número de registro (HBB) do último animal inscrito no Herd Book Brasileiro é HBB. 29.723, contudo no decorrer dos mais de 100 anos do registro brasileiro, seis animais tiveram seus registros retirados e, portanto, seus números de HBB não fazem parte da população.

Para as análises dos coeficientes de endogamia foram adicionados os pedigrees da população dos touros usados em inseminação artificial, os quais tiveram sêmen comercializado por centrais de sêmen estrangeiras. Desde o início do uso da inseminação artificial nos registros da raça, foram importados sêmen de 77 touros Shorthorn, 9 touros Lincoln Red e 4 touros Maine Anjou. Neste caso, foram inseridas as genealogias dos touros Shorthorn usados em inseminação, com uma complementaridade mínima de três gerações, sendo incluídos pai/mãe, avós e bisavós. Uma varredura inicial para verificar individualmente cada genealogia foi realizada, desta forma, descartados animais com registro duplicado. Os touros das raças Lincoln Red e Maine Anjou não tiveram genealogia inserida nas análises, pois os mesmos não apresentam parentesco que possa influenciar o resultado final dos coeficientes de consanguinidade individuais ou da média da raça.

No que refere aos registros dos ovinos Romney Marsh, foram aportados à este estudo os dados de 22.833 animais inscritos no Livro de Puros de Origem (PO). Embora, hoje, constem 38.069 animais inscritos, as análises estão limitadas aos animais disponíveis no sistema digitalizado da A.R.C.O. Estes dados foram utilizados para o cálculo da endogamia da população. Os demais parâmetros populacionais utilizaram uma quantidade menor de animais, a que é referido como população referência.

Na raça ovina Romney Marsh a população de referência principal constituiu-se de animais nascidos de 1980 a 2018. Assim, foram analisadas as genealogias de 17.053 animais, desde o registro de número FBB.19.685 inscrito em 1980, até o FBB. 38.069. Os registros contidos neste período tiveram 1.331 animais com seus registros perdidos.

A partir das populações anteriormente descritas, foram analisados os seguintes parâmetros demográficos:

- Evolução dos registos
- Intervalo de gerações (L)
- Grau de preenchimento das genealogias
- Número de gerações conhecidas (n_i)
- Consanguinidade individual (F_i)
- Grau de parentesco entre indivíduos (a_{ij})
- Acréscimo da consanguinidade por ano ($\Delta F/\text{ano}$) e por geração ($\Delta F/\text{geração}$)
- Tamanho efetivo da população (N_e)
- Parentesco médio (AR)
- Contribuições genéticas de fundadores (q_k) e ascendentes (p_k)
- Número efetivo de fundadores (f_e)
- Número efetivo de ascendentes (f_a)

Os coeficientes de consanguinidade individuais e médios foram calculados utilizando o PROC INBRED do software SAS, através do procedimento

```

data "identificação raça";
input animal $ (determinar coluna referente aos animais)
sex $ (idem) pai $ (idem) mae $ (idem);
datalines;
.....
Proc inbreed data="identificação raça" ind average;
var animal pai mae;
gender sex

```

As frequências de pais e mães foram obtidos através do uso de PROC MEANS específicos;

```

data "identificação raça";

```

```
input animal $ sex $ pai $ Mae $ ;  
datalines;  
.....  
by animal;  
run;  
proc freq;  
tables sex pai mae/norow nocol nocum;  
run;  
proc means;
```

Os dados de frequências referentes as características de pelagem, presença ou não de aspas, progênie de inseminação artificial ou monta natural, foram tabuladas em arquivo Excell e ordenadas de maneira que se obteve a quantidade de dados observados em cada categoria.

A maioria dos parâmetros demográficos foram calculados com recurso a diversas aplicações informáticas construídos para o efeito por Carolino e Gama (2002). Estas aplicações incluem nos seus procedimentos diversos tipos de validações e filtragem dos dados a serem submetidos à análise, para detecção e eliminação de possíveis erros.

Indicadores demográficos, designadamente, o parentesco médio (AR) foi determinado a partir do software ENDOG, desenvolvido por Gutierrez e Goyache (2005).

Para os cálculos referentes à raça Shorthorn consideraram-se todos os registos disponíveis na base de dados, que perfaziam um total de 34.533 indivíduos. Posteriormente criou-se um arquivo, a partir da qual se elaborou a matriz de parentescos entre todos os animais conhecidos (Van Vleck, 1993).

A consanguinidade individual (F_i) representa a probabilidade de dois alelos no mesmo *locus* serem iguais por descendência (Wright, 1923), enquanto que o grau de parentesco (a_{ij}) entre dois indivíduos (i e j) representa o dobro da probabilidade de, num determinado *locus*, um alelo retirado aleatoriamente do indivíduo i e um alelo retirado aleatoriamente do indivíduo j, serem iguais por descendência.

A equação geral que permite o cálculo do coeficiente de consanguinidade de um indivíduo (F_i), a partir do seu pedigree, como:

$$F_i = (1/2)^{n-1} (1+F_c)$$

Onde n é o número de gerações entre os pais de i “através” do ascendente comum, e F_c é o coeficiente de consanguinidade do ascendente comum (GAMA, 2002, pg.61).

No caso de existir mais que um ascendente comum entre os pais de i , F_i será o resultado do somatório das contribuições dos diversos ascendentes comuns (C_i):

$$F_i = \sum_i [(1/2)^{n-1} (1+F_c)]$$

O grau de parentesco entre dois indivíduos pode, em termos muito simples, ser encarado como a proporção de genes que possuem em comum (GAMA, 2002, pg.67).

$$a_{ZY} = 2 \phi_{ZY} \text{ e } R_{ZY} = a_{ZY} / \sqrt{(1+F_Z)(1+F_Y)}$$

Por definição, o grau de parentesco entre Z e Y é o dobro da probabilidade de, num dado *locus*, um alelo retirado aleatoriamente de Z e um alelo retirado aleatoriamente de Y serem iguais por descendência, isto é, cópias do mesmo gene. Isto implica que, no caso de haver consanguinidade, o grau de parentesco será superior aos valores referidos acima (GAMA, 2002, pg.67).

O acréscimo anual da consanguinidade ($\Delta F/\text{ano}$) foi estimado por regressão do coeficiente de consanguinidade individual (F_i) no ano de nascimento, tendo-se utilizado para o efeito o programa SAS (SAS Institute, 2009) e o seguinte modelo linear:

$$F_{ij} = b_0 + b_1 \text{ano}_i + e_{ij}$$

em que F_{ij} representa a consanguinidade individual do indivíduo j nascido no ano i ; b_0 a interseção; b_1 o coeficiente de regressão linear da consanguinidade individual no ano de nascimento e e_{ij} o erro associado com a observação ij . A partir de $\Delta F/\text{ano}$, determinou-se o acréscimo da consanguinidade por geração

($\Delta F/\text{geração}$), calculado como $(\Delta F/\text{ano}) \cdot L$, em que L representa o intervalo de gerações médio, e corresponde à idade média dos pais quando nascem os filhos que os vão substituir.

O número de gerações conhecidas (n_i) foi obtido individualmente para todos os animais da raça Shorthorn na base de dados ($n=34.533$) através da seguinte expressão:

$$n_i = \frac{n_p + 1}{2} + \frac{n_m + 1}{2}$$

em que, n_p e n_m representam, respectivamente, o número de gerações conhecidas do pai e da mãe. No caso do pai ou da mãe de um indivíduo serem desconhecidos, n_p ou n_m assumem o valor de -1.

Segundo Falconer e McKay (1996), o tamanho efetivo de uma população (N_e), é definido como o número de indivíduos de uma população com uma estrutura não ideal, que daria origem a uma determinada taxa de consanguinidade se a sua estrutura fosse ideal (e.g. igual número de machos e fêmeas, com ausência de seleção, acasalamentos aleatórios, etc.). Na caracterização demográfica, o N_e foi calculado através da seguinte expressão:

$$N_e = \frac{1}{2(\Delta F/\text{geração})}$$

em que $\Delta F/\text{geração}$ representa o acréscimo da consanguinidade por geração.

O número efetivo de fundadores (f_e) e de ascendentes (f_a), e as contribuições genéticas de fundadores (q_k) e de ascendentes (p_k), foram determinados através de aplicações desenvolvidas por Carolino e Gama (2002), segundo a metodologia proposta por Boichard et al. (1997).

O número efetivo de fundadores (f_e) representa o número de fundadores (f) que daria origem à diversidade genética observada na população em estudo, se todos os fundadores tivessem igual contribuição, tendo sido calculado através da expressão seguinte:

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

em que, q_k corresponde à contribuição proporcional de cada fundador k para a população em estudo (e.g., animais nascidos em determinado período de tempo), considerando-se como fundador um animal com pai e mãe desconhecidos, ou o progenitor desconhecido de um animal em que apenas se conhece um dos seus progenitores

O número efetivo de ascendentes (f_a) representa o número de ascendentes (fundadores ou não) que explicam a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, se todos os ascendentes tivessem igual contribuição, tendo sido determinado através das seguintes expressões:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2} \quad \text{em que} \quad p_k = q_k \left(1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_{ij} \right)$$

em que p_k corresponde à contribuição marginal de um ascendente, ou seja, a contribuição ainda não explicada pelos seus ascendentes já calculados, q_k corresponde à proporção com que cada ascendente k contribui para a população em estudo, à qual é deduzida a contribuição de todos os seus parentes cujas contribuições já foram determinadas e a_{ij} é o parentesco entre k e cada um dos seus $n-1$ ascendentes.

O parentesco médio (AR) entre cada indivíduo e a população e o Índice de conservação genética (GCI) foram obtidos diretamente do programa ENDOG (Gutierrez e Goyache, 2005). O Índice de conservação genética (GCI) representa a proporção de genes dos diferentes fundadores no pedigree de cada animal, conforme proposto por Alderson (1992), sendo calculado a partir da contribuição genética de cada um dos fundadores para todos os indivíduos, da população da seguinte forma:

$$GCI = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

em que p_i representa a proporção de genes do fundador i em cada indivíduo da população.

4. RESULTADOS

4.1 Raça bovina Shorthorn

A população da raça Shorthorn com registro Puro de Origem (PO) possui 29.717 animais, sendo 16.397 (55,18%) fêmeas e 13.320 machos (44,82%).

Como já sugere o nome Shorthorn, *short horn*: aspas curtas, no banco de dados são encontrados 22.293 animais aspados, sendo 17.587 aspados (A) e 4.706 aspados filhos de pelo menos um dos pais mocho (*). Ainda são descritos 91 animais mochados (D), 7.254 animais mochos e 79 animais sem informação quanto ao caráter aspa.

A inseminação artificial é responsável por apenas 7,76% da progênie inscrita no Herd Book brasileiro, enquanto o uso direto de touros tem 92,24% de registros. Nas últimas três décadas 2.293 animais foram inscritos como nascidos de inseminação artificial, um total de 47,89%.

A pelagem de maior abundância com um terço dos animais inscritos é a vermelha pouco branca, com 10.406 animais (35,06%). Esta é seguida pela vermelha com 8.910 animais (30,02%), pela rosilha com 8.092 animais (27,27%), branca com 1.325 animais (4,46%) e, finalmente, a vermelha e branca com somente 917 animais (3,09%). Ainda há 61 animais (0,2%) sem especificação de pelagem.

O coeficiente de consanguinidade encontrado na população total, contemplando os 34.533 dados calculados, foi de 1,68%, com um coeficiente de coancestral de 0,15%. Quando são analisados somente os machos, temos 1,7% de consanguinidade e 0,17% de coancestral, e para as fêmeas respectivamente 1,65 e 0,14%.

A consanguinidade média da população da raça Shorthorn no Brasil, quando se estuda somente os animais PO é de 1,91%. A evolução destes resultados quando agrupados em décadas pode ser vista na figura 1, onde se verifica clara tendência de crescimento. Ao separar e estudar somente o coeficiente de consanguinidade dos animais que apresentam algum grau de

parentesco se encontra uma média de 9,077% em uma população de 6.241 animais.

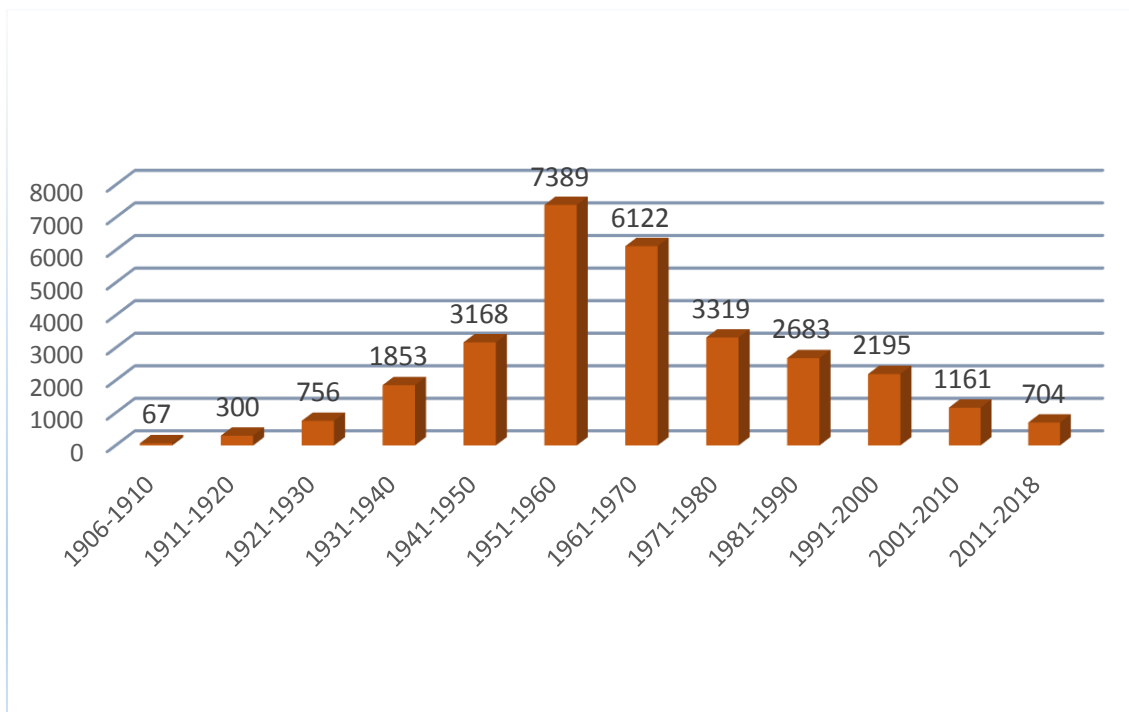


Figura 1. Número de registros efetuados por década no Herd Book Collares para a raça Shorthorn.

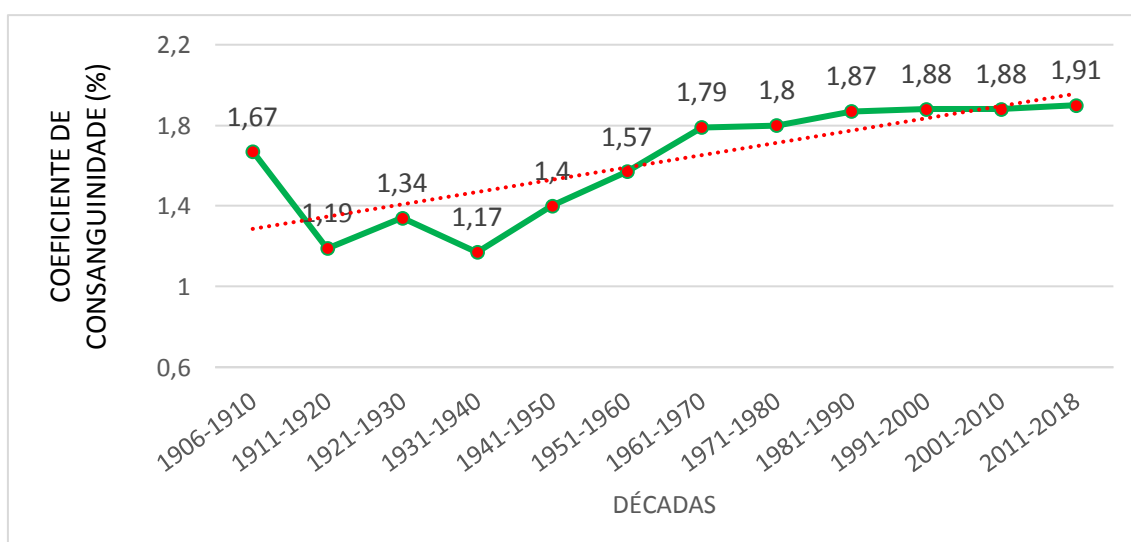


Figura2. Consanguinidade acumulada nos animais registrados Puros de Origem, desde a abertura do registro.

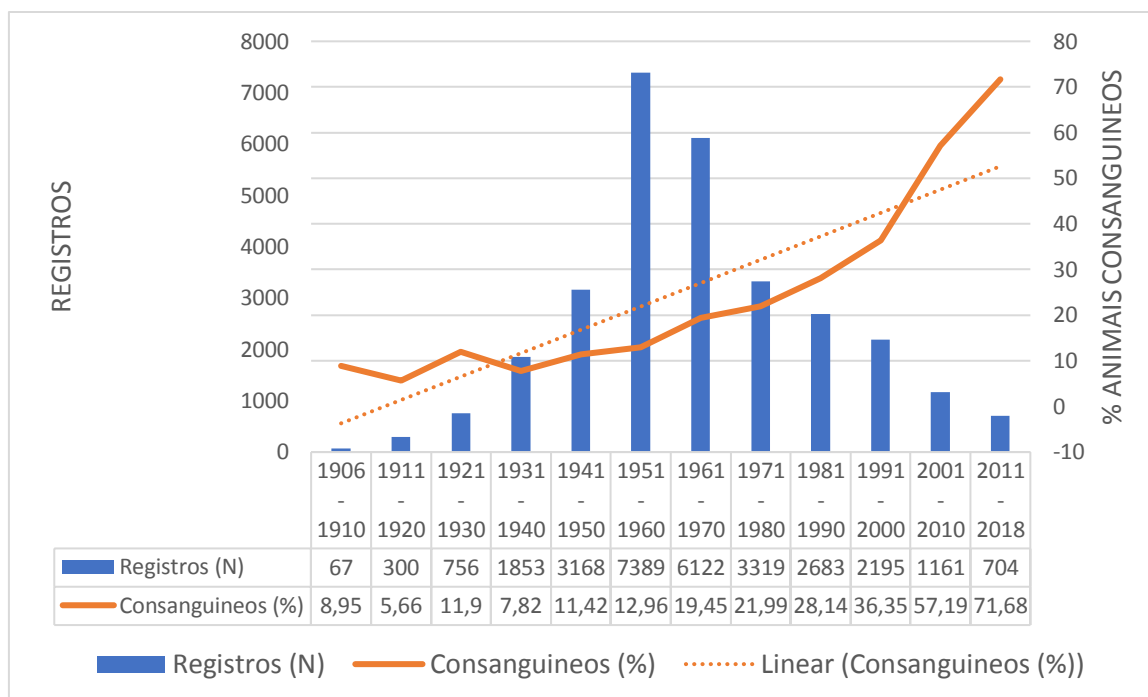


Figura 3. Número de registros efetuados por década no Herd Book Collares para a raça Shorthorn, em relação à porcentagem de animais com alguma consanguinidade.

O valor mínimo de consanguinidade encontrado na população do estudo foi de 0,01% em 28 animais, sendo estes 0,45% da população de consanguíneos. O maior coeficiente de consanguinidade foi de 47,66% em apenas um animal. Os valores demonstrados na tabela 1 quantificam o número de animais por grau de consanguinidade.

Tabela 1. Frequência de consanguinidades encontradas na população referência principal da raça Shorthorn PO no Brasil.

Coeficiente de consanguinidade	Nº animais	% da população total	% da população consanguínea
Zero	23.476	78,99	0
0,0001 até 6,24	2.991	10,06	47,92
6,25	357	1,20	5,72
6,26 até 12,49	653	2,19	10,46
12,50	523	1,75	8,38
12,51 até 24,99	791	2,66	12,67
25,0	697	2,34	11,16
25,1 até 47,66	229	0,77	3,66

Na população total analisada foram encontrados 361 animais com 6,25% de consanguinidade, 526 animais com 12,5%, 129 animais com 15,63%, e 698 animais com 25%.

Os coeficientes de consanguinidade acumulados na população Shorthorn deste estudo através das décadas esta demonstrada na tabela 2, bem como o número de registros que ocorreram em cada década e acumulados, além da consanguinidade média dos animais endógamos. Uma outra maneira de verificar a endogamia através do tempo na raça Shorthorn está descrita na tabela 3, a qual detalha a porcentagem de animais consanguíneos em razão do número de registros em cada década.

Um quadro com os coeficientes de endogamia na população da raça Shorthorn nos últimos cinco anos é mostrado na tabela 4, assim como a porcentagem de endógamos durante este período.

O número de progênie inscritas no registro genealógico brasileiro da raça Shorthorn, mostrou uma mescla de animais importados e nacionais que tiveram seus genes introduzidos na população nacional, conforme dados demonstrados na tabela 5. Nesta tabela estão listados os pais com maior número de crias registradas, sua origem geográfica, ano de nascimento e composição racial

A estatística referente ao número de crias inscritas por vaca se encontra na tabela 6, que traz uma ordenação estratificada de crias por cada ventre da raça Shorthorn no Herd Book Collares. A tabela seguinte, de número 7, nomeia os cinco ventres com maior número de crias em registro genealógico.

Tabela 2. Número de registros, consanguinidade na população de referência principal e animais consanguíneos por década e acumulados na raça Shorthorn.

Década	Nº registros na década	Nº Registros acumulados	Consanguinidade acumulada na população	Consanguinidade acumulada na população (%)	FX animais consanguíneos	FX animais consanguíneos (%)
1906-1910	67	67	0,0167	1,67	0,1875	18,75
1911-1920	300	367	0,0119	1,19	0,1912	19,12
1921-1930	756	1123	0,0134	1,34	0,1333	13,33
1931-1940	1853	2976	0,0117	1,17	0,1350	13,50
1941-1950	3168	6144	0,0140	1,40	0,1385	13,85
1951-1960	7389	13533	0,0157	1,57	0,1348	13,48
1961-1970	6122	19655	0,0179	1,79	0,1274	12,74
1971-1980	3319	22974	0,0180	1,80	0,1193	11,93
1981-1990	2683	25657	0,0187	1,87	0,1127	11,27
1991-2000	2195	27852	0,0188	1,88	0,1035	10,35
2001-2010	1161	29013	0,0188	1,88	0,0950	9,50
2011-2018	704	29717	0,0191	1,91	0,0900	9,00

Tabela 3. Consanguinidade na raça Shorthorn por década, demonstrando o número de animais consanguíneos em cada década de estudo.

Década	Nº registros	Animais consanguíneos	% Animais consanguíneos	Média geral população	Média geral população %	Média animais consanguíneos	Média animais consanguíneos %
1906-1910	67	6	8,95	0,0168	1,6791	0,1875	18,75
1911-1920	300	17	5,66	0,0109	1,0912	0,1926	19,2559
1921-1930	756	90	11,9	0,0141	1,4107	0,1185	11,8499
1931-1940	1853	145	7,82	0,0107	1,0679	0,1365	13,6477
1941-1950	3168	362	11,42	0,0161	1,6113	0,1410	14,1013
1951-1960	7389	957	12,96	0,0172	1,7158	0,1325	13,2478
1961-1970	6122	1191	19,45	0,0229	2,2873	0,1176	11,7572
1971-1980	3319	731	21,99	0,0194	1,9435	0,0882	8,8241
1981-1990	2683	760	28,14	0,0235	2,3489	0,0829	8,2924
1991-2000	2195	798	36,35	0,0197	1,9723	0,0544	5,4388
2001-2010	1161	665	57,19	0,0201	2,0075	0,0351	3,5056
2011-2018	704	519	71,68	0,0278	2,7784	0,0377	3,7689

Tabela 4. Consanguinidade observada nos últimos cinco anos na população referência principal da raça Shorthorn no Brasil.

Ano	FX geral	FX geral (%)	FX consanguíneos	FX consanguíneos (%)	Nº registros	Nº consanguíneos	Consanguíneos (%)	Ta
2014	0,0281	2,81	0,0460	4,60	108	66	61,11	bel
2015	0,0200	2,00	0,0360	3,60	111	80	72,07	a
2016	0,0315	3,15	0,0369	3,69	95	81	85,26	5.
2017	0,0273	2,73	0,0359	3,59	63	48	76,19	Fre
2018	0,0234	2,34	0,0269	2,69	31	27	87,09	

quência de touros com maior número de crias na raça Shorthorn.

Touro	Registro	Raça	Número filhos	% população	Uso	Ano	País
LeaveTrasumante 168	O024602	Shorthorn	494	1,64	IA – MN	1986	Argentina
Inca Union 2	O022303	50% SHO/ 50% LR	300	1,00	IA – MN	1977	Argentina
AnwickIsidore	B.9(LIR)	Lincoln Red	295	0,98	IA – MN	1973	Inglaterra
Strathallan Rob Roy	O004886	Shorthorn	245	0,81	MN	1946	Inglaterra
El Gruñido 159	O008007	Shorthorn	243	0,81	MN	1952	Uruguai
Santa Angela Neville 7	O003419	Shorthorn	218	0,72	MN	1942	Brasil
Scotston Air Warden	O002900	Shorthorn	209	0,69	MN	1939	Inglaterra
HS InstantEnticer	IA-36	Shorthorn *	199	0,66	IA	1985	USA
Walmer Trafalgar	B.10(LIR)	Lincoln Red	183	0,61	IA – MN	1972	Inglaterra
Acthorpe Pegasus	IA-8(LIR)	Lincoln Red	179	0,59	IA	1970	Inglaterra
RA AnwickIsidore 666	O022531	50% SHO/ 50% LR	169	0,56	IA – MN	1980	Brasil
RPS Tribune 82	IA-32	Shorthorn	147	0,49	IA	1982	USA
GFS Creole 9590	IA-52	Shorthorn *	146	0,48	IA	1995	USA
Winalot Big Mac	IA-43	Shorthorn	134	0,44	IA	1980	Canada
Stonelea Winchester	IA-44	Shorthorn	127	0,42	IA	1991	USA
TCC RowdyYates	IA-35	Shorthorn	120	0,40	IA	1986	USA
TPS CoronetLeader	IA-1	Shorthorn	113	0,37	IA	1960	USA
HemingbyJain	IA-9(LIR)	Lincoln Red	113	0,37	IA	1968	Inglaterra
DeerTrailGoliath	IA-29	Shorthorn *	112	0,37	IA	1981	USA
Byland Turbo	IA-48	Shorthorn *	108	0,36	IA	1994	Canada
Dindonno	IA-3(MA)	Maine Anjou	71	0,24	IA	1970	França

IA = Inseminação artificial

MN = Monta natural

SHO = Shorthorn

LR/ LIR = Lincoln Red

MA = Maine Anjou

* = AppendixRegister USA

Tabela 6. Número de crias registradas por cada vaca no Herd Book brasileiro.

Nº crias	Frequência de vacas	% no rebanho
1	2745	29,64
2	2122	22,91
3	1639	17,70
4	1239	13,38
5	760	8,21
6	392	4,23
7	202	2,18
8	83	0,90
9	41	0,44
10	22	0,24
11	12	0,13
12	3	0,03
13	2	0,02

Tabela 7. Vacas com mais crias em registro no Herd Book brasileiro.

Nome vaca	Registro	Nascimento	Nº crias	Primeira cria	Última cria
Biscuit	192	1920	13	1919	1938
Querência 260	9519	1954	13	1957	1972
TigrisKaiserina	845	1929	12	1932	1945
Vitória ViewPride 4	6481	1951	12	1955	1968
Quero Quero Stewart 233	22636	1979	12	1982	1994

A distribuição dos registros através das décadas pode ser visualizada na figura 2, onde se verifica clara preponderância de inscrições durante os anos 1950 e 1970.

Já a figura 3 compara os números de animais inscritos durante o tempo com o número de animais que apresentam algum grau de endogamia.

A utilização da inseminação artificial é hoje uma realidade nos rebanhos puros e comerciais do Brasil. Esta técnica além de ser uma tecnologia de fácil acesso, possui baixo custo. Em vista disso, se torna o método o qual os criadores podem acessar para refrescamento das linhas de sangue do rebanho nacional. A tabela 8 quantifica e mostra a origem genética do material seminal utilizado na população deste estudo.

Os parâmetros genealógicos da população bovina Shorthorn são demonstrados na tabela 9. Aspecto importante na análise genealógica de uma população diz respeito ao estudo da probabilidade de perda de genes entre gerações e conseqüente diminuição da variabilidade genética. O conhecimento do tamanho efetivo da população (N_e) ao longo do tempo permite determinar as alterações na variabilidade genética, pois é o reflexo do número e da escolha de reprodutores em gerações anteriores. No entanto, o N_e é um parâmetro extremamente sensível à qualidade dos dados do arquivo de pedigree e faz mais sentido em análises de longo prazo. Geralmente, o N_e é calculado como função da taxa de incremento da endogamia por geração.

A estatística que quantifica os animais nascidos através de consanguinidade direta entre pais e irmãos está demonstrada na tabela 10.

As tabelas 11 e 12 mostram respectivamente o intervalo entre gerações e a idade média dos pais ao nascer sua progênie.

Tabela 8. Origem genética dos touros usados em inseminação artificial na raça Shorthorn.

Raça	País de origem	Nº de touros
Shorthorn	Estados Unidos	39
Shorthorn	Canadá	17
Shorthorn	Reino Unido	10
Shorthorn	Argentina	7
Shorthorn	Austrália	4
Lincoln Red	Inglaterra	9
Maine Anjou	França	4

Tabela 9. Parâmetros genealógicos na população da raça Shorthorn registrada na ANC Herd Book Collares e de seus ascendentes.

Parâmetro	Valores
Número de animais na população total	34.533
Número de animais na população referência total	30.356
Número de animais na população referência principal	29.723
Consanguinidade média população total	1,68%
Consanguinidade média população referência total	1,70%
Consanguinidade média população referência principal	1,91%
Consanguinidade coancestral média população total	0,15%
Consanguinidade coancestral média população referência principal	0,17%
Média de parentesco	0,31%
Animais consanguíneos população total	18,34%
Animais consanguíneos população referência principal	21%
Consanguinidade media animais consanguíneos população total	9,06%
Consanguinidade media animais consanguíneos população referencia	9,08%
Coeficiente de consanguinidade máximo	47,66%
Aumento da consanguinidade por geração máxima	0,16%
Tamanho efetivo da população	314,92
Média de gerações completas	1,91
Aumento da consanguinidade por geração completa	1,77%
Tamanho efetivo da população	28,18
Média de gerações equivalentes	2,60
Aumento da consanguinidade por geração equivalente	1,03%
Tamanho efetivo da população	48,32
População efetiva obtida da regressão na data de nascimento	389,72
População efetiva obtida no log da regressão na data de nascimento	364,37
População base com um ou mais pais desconhecidos	3.856
População base atual com um pai desconhecido = meio fundador	3.845
Tamanho da população efetiva de fundadores	646,34.
Consanguinidade esperada pela contribuição dos fundadores de forma não balanceada	0,08%
Número de fundadores	3.856
Número de ancestrais	3.290
Número efetivo de fundadores/ Ancestrais para a população referência	528/ 327
Número de ancestrais que explicam 50% do gene pool	121

Tabela 10. Frequências de acasalamentos consanguíneos diretos.

Acasalamento	Nº	(%)
Entre irmãos inteiros	37	0,11%
Entre meio irmãos	1285	3,76%
Entre pai ou mãe e progênie	828	2,42%

Tabela 11. Intervalo entre gerações para bovinos Shorthorn.

	Nº	Intervalo (anos)	Desvio Padrão
Intervalo pai – filho	384	5,0043	2,4259
Intervalo pai – filha	6106	5,5244	2,5496
Intervalo mãe - filho	548	6,3656	2,5632
Intervalo mãe – filha	7481	6,6004	3,1411
Intervalo Total	14519	6,0968	2,9194

Tabela 12. Idade média dos pais ao nascer a progênie para bovinos Shorthorn

	Nº	Idade (anos)	Desvio Padrão
Pai – filho	9949	5,5444	2,3275
Pai – filha	11617	5,7123	2,8442
Mãe – filho	11993	6,5686	2,6782
Mãe – filha	13883	6,5625	2,9382
Total	47442	6,1423	2,7701

4.2 Raça ovina Romney Marsh

A raça ovina Romney Marsh possui coeficiente de consanguinidade de 2,9% em sua população total e coeficiente de coancestral de 0,82%. A população do sexo masculino possui hoje 3% de consanguinidade e 0,9% de coancestral, sendo nas fêmeas respectivamente 2,82 e 0,76%. A consanguinidade média da população referência na raça Romney Marsh é de 3,55%, e a consanguinidade mediana entre os animais endogâmicos desta mesma população é de 10,31%.

Tabela 13. Parâmetros genealógicos obtidos na população da raça Romney Marsh registrada na ARCO e de seus ascendentes.

Parâmetro	Valores
Número de animais na população total	22.833
Número de animais na população referência total	18.054
Número de animais na população referência principal	17.053
Consanguinidade média população total	2,90%
Consanguinidade média população referência total	3,12%
Consanguinidade média população referência principal	3,55%
Consanguinidade coancestral média população total	0,82%
Coeficiente de parentesco	2,04%
Animais consanguíneos população total	34,48%
Animais consanguíneos população referência principal	5.880
Consanguinidade media animais consanguíneos população referência	10,31%
Coeficiente de consanguinidade máximo	43,47%
Aumento da consanguinidade por geração máxima	1,02%
Tamanho efetivo da população	48,99
Média de gerações completas	1,50
Aumento da consanguinidade por geração completa	3,69%
Tamanho efetivo da população	13,57
Média de gerações equivalentes	2,23
Aumento da consanguinidade por geração equivalente	2,41%
Tamanho efetivo da população	20,77
População efetiva obtida da regressão na data de nascimento	2,34
População efetiva obtida no log da regressão na data de nascimento	1,84
População base com um ou mais pais desconhecidos	1.444
População base atual com um pai desconhecido = meio fundador	1.369
Tamanho da população efetiva de fundadores	55,26
Consanguinidade esperada pela contribuição dos fundadores de forma não balanceada	0,90%
Número efetivo de fundadores/ Ancestrais para a população referência	47/ 47
Número de ancestrais que explicam 50% do gene pool	16

Tabela 14. Frequências de acasalamentos consanguíneos diretos.

Acasalamento	Nº	(%)
Entre irmãos inteiros	9	0,05%
Entre meio irmãos	1211	6,71%
Entre pai ou mãe e progênie	525	2,91%

Tabela 15. Intervalo entre gerações para ovinos Romney Marsh.

	Nº	Intervalo (anos)	Desvio Padrão
Intervalo pai – filho	139	3,4472	1,4674
Intervalo pai – filha	1940	3,4972	1,4547
Intervalo mãe - filho	195	4,6834	2,4771
Intervalo mãe – filha	3035	4,4406	2,0865
Intervalo Total	5309	4,0488	1,9401

Tabela 16. Idade média dos pais ao nascer a progênie para ovinos Romney Marsh.

	Nº	Idade (anos)	Desvio Padrão
Pai – filho	4280	3,5404	1,4657
Pai – filha	4797	3,5503	1,4741
Mãe – filho	6217	4,5442	2,1166
Mãe – filha	6938	4,5021	2,1319
Total	22232	4,1234	1,9452

A evolução dos coeficientes de endogamia na população referência ao serem agrupados em determinado espaço temporal pode ser vista na figura 4. Nesta, vemos que a consanguinidade média na população registrada entre 1980 e 1984 era de 1,29%, enquanto que 34 anos depois, a média de endogamia na população registrada entre os anos 2015 e 2018 passou para 9,60%.

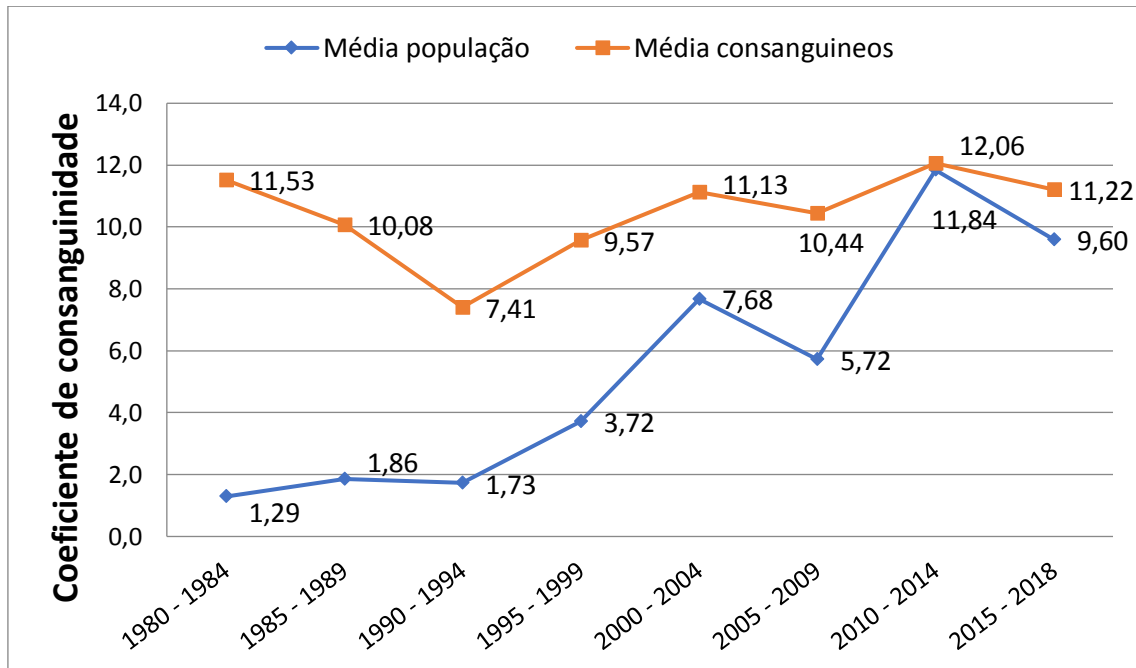


Figura 4. Coeficientes de consanguinidade comparativo entre a média da população Romney Marsh referencial e a média de consanguinidade entre os animais endogâmicos, agrupados por quadriênios.

Os números de registros vêm declinando na raça Romney Marsh, a figura 5 mostra os números de registros efetuados pela ARCO em uma linha temporal agrupada de 4 anos, bem como a quantidade de animais consanguíneos encontrados neste mesmo espaço de tempo.

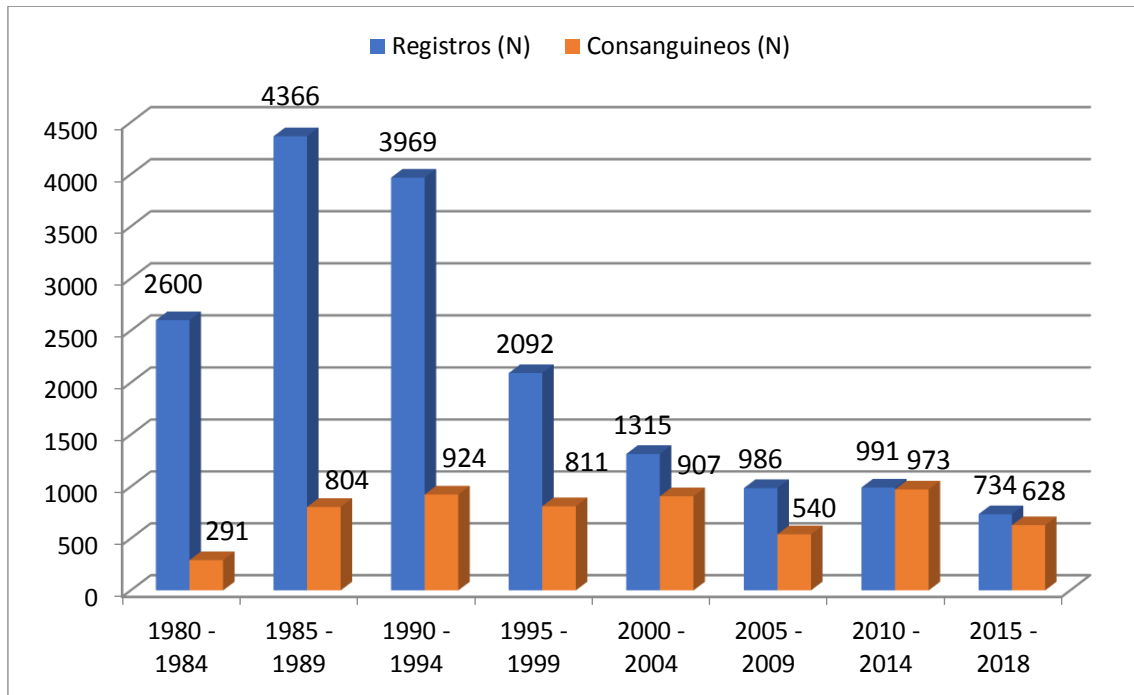


Figura 5. Registros Romney Marsh e quantidade de animais consanguíneos no mesmo espaço temporal.

Os registros anuais nos últimos 8 anos, são demonstrados na figura 6, da mesma forma, é visualizado o comparativo com a quantidade de animais consanguíneos para o mesmo período. Os valores médios dos coeficientes de endogamia da população referência, bem como dos animais com algum grau de endogamia são mostrados na figura 7.

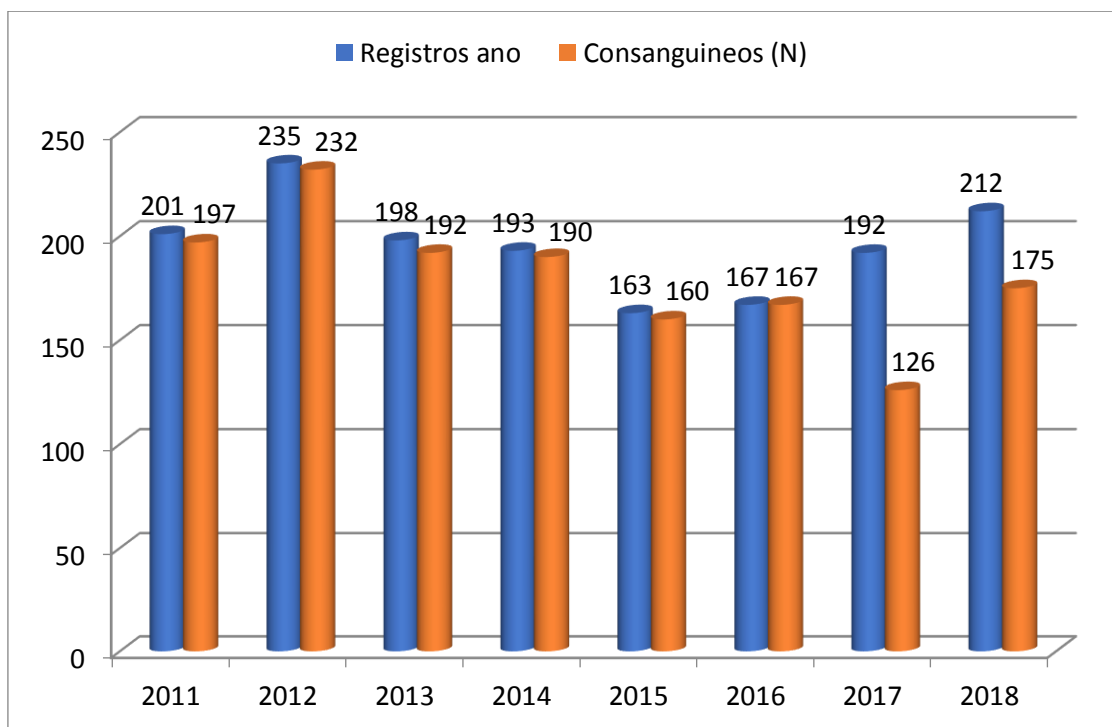


Figura 6. Registros anuais e quantidade de animais consanguíneos no período dos últimos 8 anos.

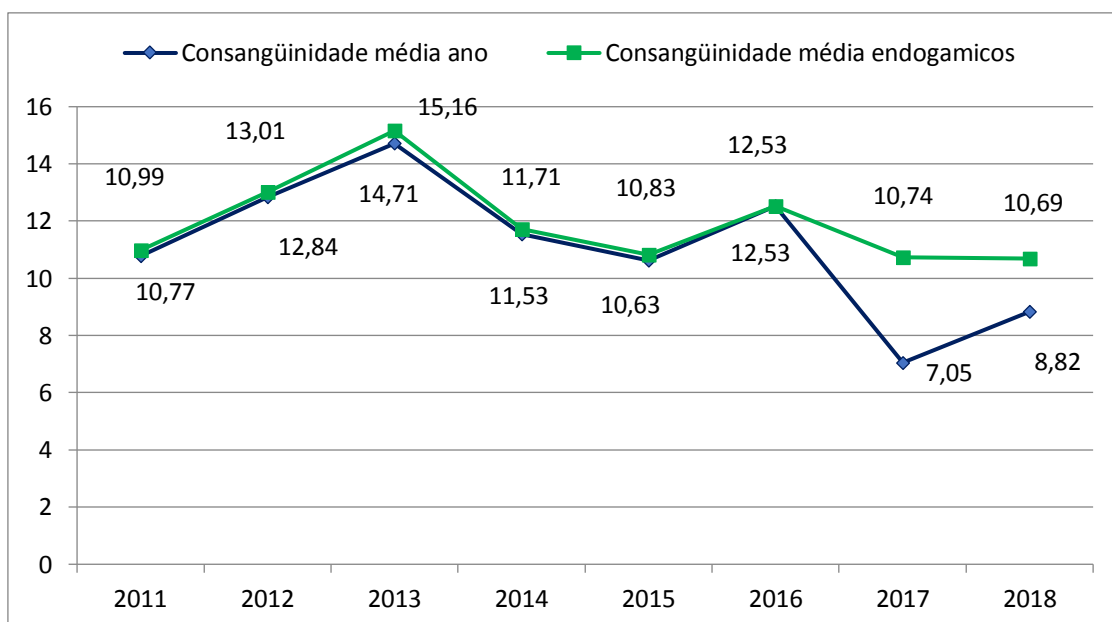


Figura 7. Consangüinidade média anual na população referência e nos animais endogamicos no último período de 8 anos.

O menor coeficiente de consangüinidade diferente de zero encontrado na população referência foi de 0,01%, em 45 animais. O maior coeficiente de

consanguinidade encontrado foi de 43,47% em dois animais. A figura 8 detalha os coeficientes encontrados em porcentagem.

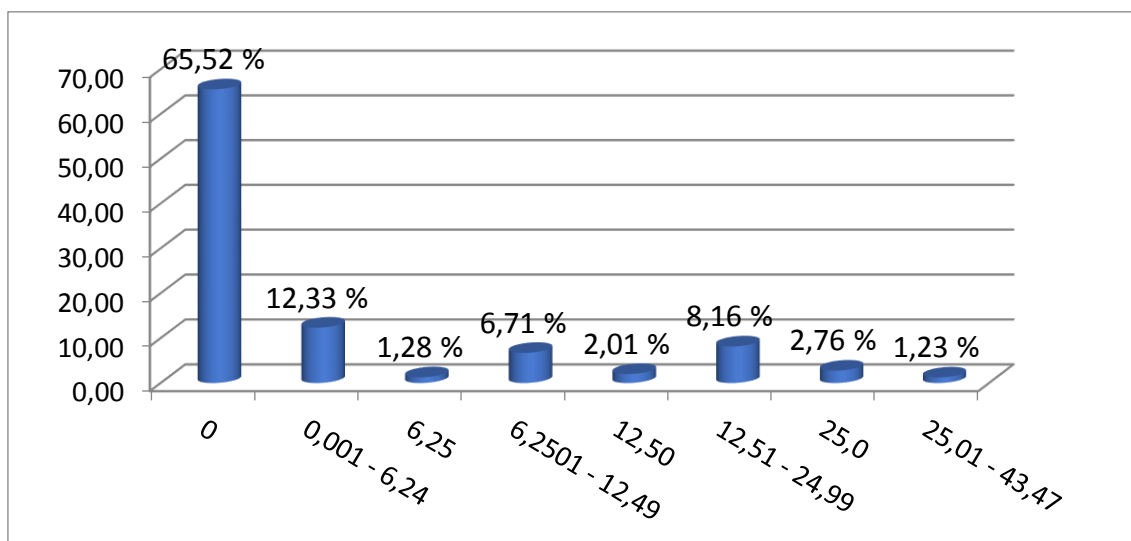


Figura 8. Porcentagem de coeficientes de consanguinidade encontrados na população referência, agrupados por faixa de valor.

As frequências relativas a prolicidade da raça Romney Marsh, número de crias por carneiros e por ovelhas, podem ser vista de forma resumida nas tabelas 17 e 18 respectivamente.

Tabela 17. Carneiros com maior número de crias registradas na população de referência.

Carneiro (FBB)	Nº crias
FBB.27.795	877
FBB.23.006	701
FBB.18.778	568
FBB.31.140	528
FBB.14.564	399
FBB.23.008	388
FBB.14.566	324
FBB.30.481	311
FBB.12.270	303
FBB.18.803	300

Tabela 18. Frequência de crias entre ventres Romney Marsh

Nº de crias	Nº de ventres	Porcentagem na população
1	1921	27,50 %
2	1332	19,07 %
3	1164	16,66 %
4	0	0
5	1514	21,67 %
6	0	0
7	723	10,35 %
8	0	0
9	239	3,42 %
10	46	0,66 %
11	27	0,39 %
12	9	0,13 %
13	4	0,06 %
14	1	0,01%
15	4	0,06 %
16	2	0,03 %

A raça Romney Marsh é conhecida por sua prolificidade e a incidência de partos duplos é verificada em 2.239 ventres. Verificam-se quatro ventres com seis partos gemelares, seis ventres com cinco partos gemelares (Tabela 19) e 20 ventres com três partos gemelares. Os ventres que tiveram partos triplos são listados na tabela 20.

Tabela 19. Ventres com maior número de partos gemelares.

Nome do ventre	Nº registro (FBB)	Nº partos gemelares
Bom Pastor 09	B000099	6
DanubioTresco 128	O020106	6
Meadowslea 848-85	O024880	6
São Chico Fernvale 2141	O020209	6
Bom Pastor 21	O023342	5
Duda 614	B000534	5
Meadowslea 340-85	O024872	5
Offord 377-85	O024893	5
São Chico Barro 2778	O030583	5
Tresco 303	O024864	5

Tabela 20. Fêmeas da raça Romney Marsh com partos triplos.

Nome animal	Nº registro
Da Igreja 014	FBB. O036710
Fuzarca 112	FBB. O035272
Horizonte 354	FBB. O035580
Horizonte 560	FBB. O037135
Horizonte 598	FBB. O037183
Romney 01	FBB. B002450
Romney 41	FBB. C002506
Santa Angelica 6594	FBB. O032103
Santa Angelica 7046	FBB. O033162
Santa Angelica 7179	FBB. O034731
Santa Angelica 7408	FBB. O034236
Santa Angelica 7872	FBB. O035723
São Chico 3204	FBB. O033783
São Chico 3285	FBB. O034021
São Chico 3593	FBB. O034584
São Chico 4555	FBB. O037026

5. DISCUSSÃO

5.1 Raça bovina Shorthorn

A raça Shorthorn é originalmente aspada e com o decorrer das décadas está se tornando mocha, seja através de cruzamentos com outras raças em anos mais recentes, seja através de gene introduzido no século XVIII por animais relacionados à raça Galloway. Mesmo com a preferência por grande parte dos criadores pela seleção e criação de animais de caráter mocho, historicamente os dados da população ainda apresentam supremacia de animais com aspadas. Assim, 75,41% da população registrada apresenta armas, e apenas 24,44% dos animais são mochos geneticamente. Contudo estes animais mochos, ainda podem produzir indivíduos aspados, pois muitos são heterozigotos para a característica.

Hoje em dia é raro encontrar animais doadores de sêmen com aspadas, tanto que 81,8% dos doadores de sêmen são mochos. Bem como a preferência dos criadores é por animais mochos, devido às facilidades do manejo e menor incidência de lesões na carne. Mesmo com a dominância genética do fator mocho, ainda nascem animais com fator aspado nos rebanhos nacionais. Dos últimos 36 touros que tiveram sêmen importado para uso em inseminação artificial, que equivale a um período de 30 anos, apenas um animal apresentava aspadas. Isto se reflete na população, visto que, de um total de 4.788 animais nascidos neste período, 3.007 foram inscritos como mochos, um total de 62,8% da população. Estudo anterior com os animais nascidos entre 1987 e 1999 de Machado et al. (2000, pg. 41) relatam uma frequência de 53,8% dos animais para o caráter mocho e 46,2% para aspados.

As técnicas de biotecnologia estão disponíveis para o produtor de genética bem como para o produtor comercial, em especial o uso da inseminação artificial que é amplamente utilizada nos rodeios nacionais. O primeiro animal nascido de inseminação artificial está inscrito em dezembro de 1969, para um criador da cidade de Itaqui, na fronteira oeste do Rio Grande do Sul. Porém, ao se estudar as genealogias com mais cuidado, se verifica nascimentos esporádicos de progênie de touros americanos através de inseminação artificial desde o final de 1960. Contudo, a inseminação artificial é

responsável por menos de 8% da progênie inscrita desde a abertura do Herd Book brasileiro para a raça Shorthorn.

Nas últimas três décadas 2.293 animais foram inscritos como nascidos de inseminação artificial, um total de 47,89%. Sabe-se que muitos touros nacionais tiveram sêmen coletado e são usados por seus proprietários por meio de inseminação, portanto, esta porcentagem de uso seguramente está ao redor de 65%. O antigo software de registro do Herd Book brasileiro não diferenciava a técnica usada para o acasalamento dos ventres por ocasião dos comunicados de cobertura dos rodeios de cria, se esta era inseminação artificial ou monta natural. O software somente se baseava se o touro era importado (sim = IA) ou nacional (não = monta natural).

O fator pelagem na raça Shorthorn teve suas frequências analisadas. No Herd Book brasileiro são admitidos cinco tipos de pelagens no padrão da raça. O vermelho tapado (código ANC = 2), o branco (código ANC = 6), o rosilho (código ANC = 7), o vermelho e branco (código ANC = 8) e o vermelho pouco branco (código ANC = 9). As duas últimas pelagens citadas causam confusão em alguns criadores, sendo quase que uma denotação subjetiva a determinação dada a estas duas cores de pelagem nos animais. Ainda se vê certa confusão entre os animais rosilhos bragados que apresentam um fator rosilho de bordadura bem delimitada, o que leva alguns criadores a informar um animal rosilho como sendo vermelho e branco.

Os padrões de pelagem vermelho pouco branco, vermelha sólida, e rosilha, dominam a quase totalidade do fenótipo dos animais inscritos no registro brasileiro com 35,06%, 30,02% e, 27,27% respectivamente. Figurando com 4,46% e 3,09%, estão as pelagens de padrão branco e, vermelho e branco respectivamente. Machado et al. (2001, pg.473) listam frequências semelhantes, 30,0 %, 37,3%, 25,3%, 3,5% e 2,9%, respectivamente, para os padrões de pelagem da raça Shorthorn em estudo realizado com 2.500 animais do Herd Book nacional nascidos entre 1987 e 1999.

A distribuição dos números de registros da raça Shorthorn na população Puro de Origem em um acumulado ordenado por década está demonstrada na figura 1. A época de maior numero de registros e por consequência o maior numero de criadores ocorreu entre as décadas de 1940 e 1980. Após este

período houveram liquidações de grandes rebanhos e por consequência os registros foram diminuindo, pois, as sucessões não tiveram interesse em manter registro genealógico. Ainda, o Shorthorn historicamente foi uma raça onde alguns poucos criadores possuíam rebanhos muito grandes, e após estes rebanhos sofrer a natural sucessão entre pais e filhos, muitos optaram por terminar os rebanhos ou não efetuar mais registro. Um fator que levou a desistência para a criação da raça foi o biotipo animal que começou a dominar a raça no final dos anos 1980, um biotipo netamente americano New Type que exigia maior quantidade de alimento.

O progresso que a média geral da consanguinidade que a população da raça Shorthorn vem acumulando desde a abertura do livro de registro sempre aumenta, paulatinamente, com pequenos decréscimos em uma ou outra década. Este decréscimo na taxa de endogamia corrobora com os momentos históricos onde houve a introdução de genética para refrescamento de sangue. Durante a história da raça no país, houveram pelo menos dois momentos em que estes coeficientes apresentaram decréscimo acentuado em sua rota. O primeiro ocorreu entre os anos 1911 e 1920 por ocasião da introdução de animais do Uruguai, Argentina e Inglaterra. O segundo, e possivelmente mais importante, pela consequente melhoria dos rodeios de Shorthorn criados no Rio Grande do Sul, ocorreu entre os anos 1930 e 1940. Uma terceira introdução de genes com propósito de refrescamento de sangue ocorrem em meados da década de 1970, com abertura dos registros para o uso de genética Lincoln Red e Maine Anjou. Tais introduções não surtiram efeito duradouro em manter o coeficiente médio de endogamia baixo na população, visto que nas décadas seguintes os índices continuaram a apresentar aumento. Esta tendência crescente da endogamia é bem representada na figura 2. Por outro lado, mesmo com o aumento gradual da razão média do coeficiente de consanguinidade no geral da população, se observa que a média deste coeficiente para os animais consanguíneos diminui em proporção.

A figura 3 expõe o que está ocorrendo no registro PO da raça Shorthorn no Herd Book brasileiro em relação ao número de animais consanguíneos da população, onde se nota escassa quantidade de animais inscritos durante os últimos sete anos e aumento significativo na proporção de animais

consanguíneos desta população. Uma das causas de aumento na consanguinidade nos rebanhos é o uso de touros selecionados dentro dos próprios rebanhos para acasalar os ventres. Ao observar os registros se torna claro e notório os coeficientes de consanguinidade em animais padreados por monta natural. Progênie padreada por inseminação artificial apresentam coeficientes de consanguinidade zero. Porém, após os anos 1990 se iniciou a observar animais padreados por inseminação artificial com algum grau de consanguinidade, e, após os anos 2000 este fato se intensificou. Os coeficientes de consanguinidade encontrados na progênie de touros de inseminação são em geral baixos, sendo menores que 3%, mostrando que já está havendo um gargalo genético entre doadores de sêmen estrangeiros e a genética nacional. A curva ascendente após a década de 1990 mostrada na figura 3 transcreve para números a homogeneidade genética e o risco de erosão genética para onde a raça está se encaminhando.

A análise da consanguinidade média dentro de uma população é um fator importante no contexto geral da saúde genética de uma raça. De forma similar, ter uma visão geral das frequências que os coeficientes de endogamia aparecem na população é outro parâmetro que nos mostra como a consanguinidade em uma população pode aumentar ou não. A tabela 1 detalha estas frequências encontradas. Se verifica que uma grande parcela da população não apresenta grau de consanguinidade algum, e pelo menos 10% dos animais possuem algum grau de parentesco na população. Aparentemente é um valor pequeno, porém, se tem em conta que a população não consanguínea está em sua maioria disposta nas décadas iniciais do registro genealógico. Assim, a população consanguínea se encontra em sua maioria nos registros mais atuais, e conforme será detalhado mais adiante.

Vários animais, 2,34% do total da população e 11,16% dos consanguíneos, apresentam coeficientes de 25%, indicando acasalamentos de pai com filhas. Isso indica que alguns criadores estão optando por usar genética estreitamente aparentada, seja este uso por escolha própria ou por necessidade.

A tabela 3 nos mostra os acumulados quanto aos números de registros e coeficientes de consanguinidade acumulados na população da raça Shorthorn

quando se faz uma análise dos resultados por década. Se observa que nos anos iniciais de criação, até o final da década de 1920, havia uma população pequena e em formação, onde mesmo com as importações recorrentes para introduzir nova genética no rebanho, o crescimento da raça era lento quanto ao número de registros. Já as décadas que compreendem os anos 1940 a 1970, podem ser chamadas de “Época de Ouro” da raça Shorthorn no Brasil, devido ao grande número de animais inscritos e de rebanhos puros, com 56% dos registros consolidados neste período de tempo. Quando se observa os dados referentes aos animais com endogamia diferente de zero, às décadas de 1941/1950 e 1980/1990, vemos uma média geral de consanguinidade para a população referência naquela década de 1,6113% e 2,3489% respectivamente, mas, ao observar a média geral dos animais consanguíneos se verificam médias 14,1013% e 8,2924%. Contudo, este decréscimo da média dos animais consanguíneos não se pode aceitar como um alento para a população, visto que três fatores nos fazem estar atentos ao futuro próximo da saúde genética da população de Shorthorn.

O primeiro fator é sem dúvida o lento e continuo aumento na taxa média da consanguinidade de toda população, pois mesmo com a diluição da média geral por todos os mais de 29.000 registros, a mesma continua ascendente, tendo um aumento de quase um ponto percentual nos últimos 30 anos. O segundo fator é o decréscimo no número de registros que se acentuou nos últimos 18 anos. E, por fim, o terceiro ponto, e não menos preocupante, é o aumento substancial na quantidade de indivíduos da população com algum grau de consanguinidade. Onde na década de 1990 haviam 36,35% de indivíduos com alguma consanguinidade, 25 anos depois esta porcentagem subiu para 71,68% de indivíduos conforme ilustrado na figura 2.

Gutierrez (2003, pg.53) encontrou igual resultado em que o coeficiente de endogamia dos animais endogâmicos diminui, e a porcentagem de animais endogâmicos bem como a endogamia em toda a população aumenta. Isso ocorre porque a chance de encontrar ancestrais comuns aumenta junto com o nível de completude de pedigree, mas esses ancestrais são encontrados mais em gerações distantes.

Semelhante análise do número de registros, coeficientes de consanguinidade da população, porcentagem de animais consanguíneos, e média de consanguinidade dos endogâmicos, é mostrada na tabela 3, estes resultados mostram os valores destes parâmetros para os registros contidos para a década específica. A diminuição drástica do número de animais registrados, e o aumento não menos drástico da porcentagem de animais consanguíneos em uma população cada vez menor, leva a crer que qualquer incremento por menor que seja no grau de consanguinidade terá impacto significativo na endogamia geral dos animais vivos.

A tabela 4 nos mostra uma análise específica da população registrada nos últimos cinco anos. Se observa taxa de consanguinidade geral anual flutuante e média de consanguinidade dos indivíduos decrescente, porém, há decréscimo acentuado no número de registros, de 108 animais em 2014 para 31 animais em 2018. A porcentagem de animais com algum grau de consanguinidade subiu de 61,11% (2014) para 87,09% (2018), um aumento 25,98% na quantidade de animais consanguíneos. Isto mostra o quão sensível está a população para o uso de genética estrangeira. Em especial quando se trata de animais doadores de sêmen oriundos da Argentina.

O uso de touros próprios e, sêmen destes, é uma das razões que mantem elevado o coeficiente de consanguinidade, mas, isto se agrava ao ver que estes touros são de alguma forma aparentados. Um dos touros com maior número de filhos nos últimos 30 anos é LeaveTrasumante 168, importado da Argentina. Trasumante é filho de RPS Tribune 82, touro americano que foi usado na quase totalidade dos rebanhos através de inseminação artificial. Outro exemplo é o touro Anwick Isidore, um Lincoln Red importado, com mais de 290 crias registradas, sendo pai de RA Anwick Isidore 666 que conta com 170 crias. Sabe-se que Anwick Isidore é pai de vários touros usados em outros rebanhos, porém deixaram menor quantidade de descendentes, dados estes descritos na tabela 5.

Ainda na tabela 5, se observa um dos casos de maior influência para a produção de animais consanguíneos, os americanos HS Instant Enticer e Stonelea Winchester, ambos com 199 e 127 crias respectivamente. Enticer é avô paterno de Winchester. Instant Enticer é também, avô materno de SC Irish

Mark, bisavô paterno de Byland Turbo e bisavô paterno de GFS Creole 9590, todos touros bastante usados em inseminação artificial. Ainda, SRS Instant Replay 102X, que é pai de HS Instant Enticer, está presente em pedigrees usados no Brasil para inseminação. Ao analisar os touros de origem argentina, todos possuem em sua genealogia como ancestral próximo os touros RPS Tribune e Sebant Titleist.

As tabelas 6 e 7 nos trazem um breve resumo do histórico de parição e frequências de crias tidas por cada ventre inscrito no Herd Book brasileiro. A longevidade da raça Shorthorn é apregoada desde sua formação no século XVII (BRUCE, 1907; SINCLAIR, 1911; SANDERS, 1918; MARSON, 1946; MACEWAN, 1982; PORTER, 1991; FISHER, 1993; WOOD-ROBERTS, 1995). Os dados mostram uma porcentagem de vacas que pariram mais de 6 crias registradas, com animais parindo mais de 10 crias em sua vida reprodutiva.

A origem genética dos animais Shorthorn criados no Brasil tem sua história relacionada aos rebanhos existentes no Uruguai e Argentina em sua maioria, mas no princípio dos registros houveram importações da Alemanha, França, Inglaterra, Escócia e Estados Unidos. Recentemente a raça tem sido influenciada por genética oriunda dos Estados Unidos, Canada e Argentina através de importação de sêmen, conforme se pode verificar pela tabela 8.

Material genético tem sido importado principalmente por sêmen, visto que os custos de importação de animais vivos são altos. Além disso, a utilização das biotecnologias tem se tornado mais acessível, e embriões foram importados desde a Argentina e Inglaterra em anos recentes.

Piccoli et al. (2014, pg.1928) citam em seu estudo, um resultado inesperado, foi a baixa endogamia média no Shorthorn, tendo em vista ser esta uma raça com censo pequeno no Brasil e em países que fornecem germoplasma. Todavia, a afirmação dos autores quanto a existência de populações pequenas em outros países pode ser contestada. É sabido que o Shorthorn possui expressiva população na Argentina. É uma das principais raças nos Estados Unidos e Canadá, com milhares de registros anuais em todos os estados e províncias daqueles países. No Reino Unido há incremento anual de registros, acelerado pelos programas de bonificação por qualidade de carne, sendo que nos últimos seis anos duplicaram os registros e quase que

triplicaram os criadores em registro genealógico. A Austrália é também importante fonte genética para cruzamentos, no norte tropical do país, bem como nas zonas temperadas do sul. Portanto um maior estudo sobre o status de uma raça deve ser feito, saindo dos paradigmas impostos por ações de marketing de outras raças congêneres.

Piccoli et al. (2014, pg.1928) também mencionam que o Shorthorn brasileiro foi mantido na sua maior parte livre da influência de outras raças, podendo ser uma fonte interessante para países onde a raça está experimentando agora erosão genética. No presente estudo, foi mostrado que do ponto de conservação do status de pureza genética o Shorthorn criado atualmente no Brasil está em sua totalidade hibridizado. O que se deve a genes da raça Lincoln Red, após as introgressões de 1973 a 1978, bem como ao uso de genética de origem norte americana, que utilizou outras raças em sua população.

Em vista do exposto sobre as introgressões sofridas e com a genética usada nas últimas décadas com material genético oriundo dos Estados Unidos, Canadá e Argentina, não se acredita que o Shorthorn hoje existente no Brasil possa ser de interesse estrangeiro, visto que a genética aqui encontrada é semelhante à criada no exterior.

A tabela 21 nos mostra de maneira resumida dados sobre populações e coeficientes de consanguinidade da raça Shorthorn comparada com vários autores revisados. A análise pode ser estratificada em três populações que provem números de consanguinidade. Ao verificar a população total, ou seja, incluindo ancestrais de maneira mais completa nos pedigrees, com objetivo de verificar pais fundadores dentre outras estatísticas, se observa que a população de estudo da raça Shorthorn no Brasil é de certa maneira uma das menores que foram objeto de análise através dos anos.

Tabela 21. Sumario dos parâmetros populacionais e consanguinidade reportados em diferentes raças.

Parâmetro	Outros estudos
Número de animais na população total	51.627 (MAR BR)(QUINTINO et al., 2000) 140.851 (NEL BR)(SHIMBO et al., 2000) 969.889 (BONS SA)(MOSTERT e EXLEY, 2000, pg.89)

	1.197.384 (HOL PT)(VASCONCELOS et al., 2005, pg.35)
	20.624.418 (HER USA)(CLEVELAND et al., 2005, pg.993)
	8.075.912 (HOL CAN)(SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	368.518 (JER CAN)(SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	512.681 (AYR CAN)(SEWALEN et al.,2006, pg.2211)
	27.610 (GIR BR)(REIS FILHO, 2006, pg.25)
	10.051 (GUZ BR)(PEIXOTO et al., 2010, pg.169)
	9.845 (TAB BR)(BERNARDES et al., 2013)
	542.297 (AYR CAN)(MELKA et al., 2013, pg. 477)
	132.710 (BSW CAN)(MELKA et al., 2013, pg. 477)
	12.263 (CAN CAN)(MELKA et al., 2013, pg. 477)
	132.128 (GUE CAN)(MELKA et al., 2013, pg. 477)
	21.521 (MSHO CAN)(MELKA et al., 2013, pg. 477)
	37.752 (SHO BR)(PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	175.179 (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	61.295 (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	245.942 (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	20.228 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.23)
	244.718 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	278.095 (BRA BR) (LOPA, 2015, pg.36)
	260.573 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	534.664 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	425.475 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	80.596 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	10.494.715 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	24.844 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	469.376 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	23.513 (NEL BR) (LOPES et al., 2016, pg.1)
Número de animais da população referêcia	88.733 (NEL BR) (SHIMBO et al., 2000)
	103.381 (GIR BR) (QUEIROZ et al., 2000, pg.1016)
	141.355 (HOL PT) (VASCONCELOS et al., 2005, pg.35)
	1.977.311 (HOL CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	72.385 (JER CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	112.723 (AYR CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	23.901 (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.25)
	28.631 (ALEN PT) (CAROLINO e GAMA, 2007, pg.22)
	49.354 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	7.630 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	1.099 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	1.557 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	1.165 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	203.821 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	185.842 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	209.215 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	176.390 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	3.744 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	4.045.548 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	12.549 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	181.523 (TAB BR) (SANTANA JR, et al. 2016, pg.7)
Consanguinidade media população total	0,47% (MAR BR) (QUINTINO et al., 2000)
	0,64% (BONS SA) (MOSTERT e EXLEY, 2000, pg.89)
	1,8% (HOL PT) (VASCONCELOS et al., 2005, pg.35)
	9,8% (HER USA) (CLEVELAND et al., 2005, pg.993)
	3,20% (HOL CAN) (SEWALEN et al.,2006, pg.2211)
	3,60% (JER CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	3,99% (AYR CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211)
	2,82% (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.36)
	5,74% (ALEN PT) (CAROLINO e GAMA, 2007, pg.22)
	0,9% (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170)
	0,55 (TAB BR) (BERNARDES et al., 2013)
	6,1% (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	5,5% (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	7,7% (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	5,9% (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	2,4% (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	1,60% (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)

	1,38% (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	2,82% (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1,16% (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1,15% (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.23)
	1,83% (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	0,06 (BRAFR BR) (LOPA, 2015, pg.36)
	2,10% (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	2,04% (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	2,39% (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	6,24% (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	2,70% (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	3,01% (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	1,90% (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	29,2% (HER USA) (SUMREDDIE et al., 2018, pg.39) (PED)
	22,9% (HER USA) (SUMREDDIE et al., 2018, pg.39) (ROH)
Consanguinidade coancestral	6,3% (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 485)
população total	6% (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 485)
	10,4% (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 485)
	8% (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 485)
	4,2% (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 485)
	2,77% (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.31)
	2,42% (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	1,82% (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	1,73% (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	1,36% (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	2,85% (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	2,85% (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	1,40% (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
Animais consanguíneos população	13,68% (MAR BR) (QUINTINO et al., 2000)
total	2,34% (NEL BR) (SHIMBO et al., 2000)
	17,68% (GIR BR) (QUEIROZ et al., 2000, pg.1016)
	23% (BONS SA) (MOSTERT e EXLEY, 2000, pg.89)
	8,6% (HOL PT) (VASCONCELOS et al., 2005, pg.35)
	95% (HER USA) (CLEVELAND et al., 2005, pg.993)
	60,43% (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.36)
	53,07% (ALEN PT) (CAROLINO e GAMA, 2007, pg.22)
	16,8% (TAB BR) (BERNARDES et al., 2013)
	34,53% (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170)
	93% (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	84% (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	93% (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	97% (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	83% (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	18,55% (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	60,68% (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	73,58% (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	23,90% (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	19,8% (NEL BR) (LOPES et al., 2016, pg.180)
	96% (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.31)
	34,38% (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	3,19% (BRAFR BR) (LOPA, 2015, pg.36)
Consanguinidade média para	3,40% (MAR BR) (QUINTINO et al., 2000)
animais consanguíneos população	3,81% (NEL BR) (SHIMBO et al., 2000)
total	2,78% (BONS SA) (MOSTERT e EXLEY, 2000, pg.89)
	4,66% (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.36)
	2,5% (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170)
	8,65% (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	2,27% (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	3,83% (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	4,86% (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	9% (BRAFR BR) (LOPA, 2015, pg.36)
	2,17% (NEL BR) (LOPES et al., 2016, pg.180)

No presente estudo se obteve valor médio de consanguinidade de 1,68% para os 34.533 indivíduos (Tabela 9). Estudo realizado por Piccoli et al. (2014), com a mesma população objetivo, a média do coeficiente de consanguinidade para uma população de 37.752 animais foi de 1,60%. No entanto, quando analisados somente os 29.717 registros dos animais inscritos com número de HBB no livro de Puros de Origem, este valor médio de consanguinidade da população subiu para 1,90%, sendo assim 0,25% superior ao calculado usando toda a população.

Valores semelhantes de consanguinidade média foram encontrados por Vasconcelos et al. (2005, pg.35) na raça Holandesa em Portugal, por Piccoli et al. (2014, pg.1923) nas raças Aberdeen Angus, Devon e Hereford no Brasil, na raça Afrikaner em estudo de Pienaar et al. (2015, pg.53), no Senepol em estudo de Okamura et al. (2015, pg.23) e por Santana Jr. et al. (2016, pg.7) nas zebuínas Tabapuã, Brahman, Gir e Guzerá. Outros estudos encontraram valores inferiores em Marchigiana (Quintino et al., 2000), Guzerá (Peixoto et al., 2010, pg.170), Tabapuã (Bernardes et al., 2013) e Braford (Lopa, 2015, pg.36). Também foram observados resultados muito superiores, como os de Cleveland et al. (2005, pg.993) ao estudarem Hereford, de Sewalen et al. (2006, pg.2211) em três raças leiteiras no Canadá, Melka et al. (2013, pg.477) com quatro raças leiteiras no Canadá, e Santana Jr. et al. (2016, pg.7) com Indubrasil, Nelore e Sindi no Brasil.

Os efeitos de endogamia não foram detectados em estudo de Quirino et al. (2000) com animais Marchigiana ao efetuarem o cruzamento dos dados de pedigree com o desempenho de peso ao nascimento, aos 120 dias, a desmama e aos 14 e 18 meses de idade. Shimbo et al. (2000) não encontraram efeito significativo para a endogamia materna sobre as características analisadas em seu estudo com animais Nelore, porém, houve efeito significativo da endogamia do indivíduo sobre peso ao nascer, desmama, sobreano, ganho de peso e na circunferência escrotal.

Estudo de correlação entre consanguinidade e as características de crescimento de bovinos Gir mostram que mesmo com pequenos níveis de endogamia o efeito sobre o desenvolvimento de terneiros foi significativo à desmama e ao ano (QUEIROZ et al., 2000, PG.1017).

O efeito depressivo obtido no estudo de Vasconcelos et al. (2005) com vacas leiteiras, não demonstrou reduções importantes na produção de leite, proteína e gordura em vacas com coeficiente médio de endogamia, podendo afetar caracteres ligados a sobrevivência e reprodução, devendo ser evitados tais acasalamentos. Reis Filho (2006) descreve que animais Gir para produção com coeficientes de endogamia superiores a 10% apresentam efeito negativo significativo em todas as características produtivas analisadas.

A depressão endogâmica indica claramente os efeitos indesejáveis da consanguinidade sobre a maioria das características produtivas de bovinos de corte (CAROLINO e GAMA, 2008, PG.522). Bernardes et al. (2013) analisando a consanguinidade da raça Tabapuã verificaram que houve regressão linear significativa entre a endogamia e o menor peso aos 210 dias de idade, aumento nos dias do quarto intervalo entre partos e diminuição na produtividade acumulada. Resultados similares, onde animais com mais de 8% de coeficiente de consanguinidade apresentaram menor peso aos 120 e 210 dias, foi encontrado no estudo de Lopes et al. (2016, pg.181) com animais da raça Nelore.

Para verificar a influência da consanguinidade sobre a produção de oócitos em doadoras de embriões da raça Guzerá, Perez et al. (2017, pg. 7) realizaram estudo analisando a endogamia de doadoras, touros pais e embriões. Os autores encontraram efeitos favoráveis e desfavoráveis sobre as características reprodutivas dos doadores e embriões, verificando que alta endogamia age negativamente quanto à produção de oócitos nas doadoras, que não há influência sobre os resultados quando os pais são consanguíneos e que altos coeficientes de endogamia podem inviabilizar a sobrevivência dos embriões no ambiente *in vitro*.

A potencial perda de fertilidade dos machos consanguíneos foi o tema de estudo de Tseveenjav et al. (2018). Ao estudar três linhagens de bovinos Hereford com consanguinidade média de 0%, 27% e 45% não houve perda de motilidade espermática em nenhuma linhagem (91%, 90% e 90%), concluindo que a seleção indireta por fertilidade pode ser praticada mesmo com o aumento da homozigose.

Trabalho comparativo entre métodos de mensuração da homozigose descrito por Sumreddee et al. (2019) usando a linhagem Line 1 de Hereford, encontrou similar coeficiente de consanguinidade para o método usando cálculo de endogamia através do uso de pedigree e método através de marcador molecular por homozigose (ROH). Ambos mostraram correlação negativa para a endogamia sobre peso ao nascer, peso ao desmame, peso ao ano, ganho de peso diário e idade ao primeiro parto.

Os dados do presente estudo nos mostram que a raça Shorthorn criada no Brasil está com uma consanguinidade média de sua população referência dentro de um status aceitável. Mesmo que outros trabalhos mostrem valores inferiores, alguns destes foram efetuados com populações de referência com pedigrees abertos e incompletos, se refletindo nos valores finais o baixo coeficiente de consanguinidade.

Em estudo de meta análise dos efeitos da endogamia realizado por Leroy (2014, pg.621) foi observado que características como fecundidade e sobrevivência da progênie são altamente afetadas ($p < 0,001$) pela endogamia, enquanto que fertilidade e facilidade de parto foram significativas ($p < 0,05$). No que refere ao peso e crescimento de indivíduos endogamicos, o peso ao nascer e crescimento foram afetados de forma significativa ($p < 0,001$). Características relacionadas à conformação como condição corporal, esqueleto, qualidade de carne, conformação leiteira não foram significativas estatisticamente, mas o perímetro escrotal apresentou significância ($p < 0,05$). Locomoção e comportamento não apresentaram significância para a influência da consanguinidade. No que refere a produção foram significativas ($p < 0,001$) a produção de leite e peso da leitegada, produção de gordura ($p < 0,01$), e produção de proteína ($p < 0,05$).

Conforme a teoria pressuposta, ao se analisar todos os animais com a genealogia completa de uma população, ocorre diminuição nos coeficientes de consanguinidade. Por haver animais demasiados na população, há diluição da média dos indivíduos consanguíneos pela média geral de todos animais do banco de dados. Por esta razão, no presente estudo se optou por analisar a média dos coeficientes de consanguinidade apenas dos animais que fazem parte da população em estudo, ou seja, dos animais contidos no registro Puro

de Origem. Obtêm-se assim, uma média mais próxima da realidade na raça Shorthorn do registro brasileiro.

Pouco adianta sobrecarregar o banco de dados com pedigrees de animais que não são parte da população ativa. A inclusão desmedida de ancestrais provê um diagnóstico falso da média geral da população, embora estes possam contribuir para os coeficientes de consanguinidade individuais.

Naturalmente o procedimento de selecionar os animais da população de estudo e efetuar média simples com os coeficientes de consanguinidade, descartando os coeficientes de seus ancestrais que não estão inscritos nos registros brasileiros, pode acarretar um desvio do valor encontrado nos coancestrais. Porém, o objetivo base deste estudo é conhecer a real razão numérica do coeficiente de consanguinidade dos animais inscritos no livro de Puros de Origem, bem como identificar os animais consanguíneos. Portanto, os resultados foram obtidos de modo satisfatório. Os dados encontrados por outros autores no parâmetro referente à consanguinidadecoancestral excederam os encontrados na população do presente estudo, conforme resumo da tabela 21.

No atual estudo se calculou através de média simples o grau de consanguinidade médio dos indivíduos consanguíneos, retirando-se da média da população objetivo os animais com consanguinidade igual a “zero”. Foram encontrados 6.241 animais, perfazendo 21% da população. Piccoli et al. (2014) encontraram 18,55% dos animais de sua população referencia com algum grau de consanguinidade, e coeficiente médio de 8,65%, enquanto que neste estudo, a média dos animais consanguíneos foi de 9,07%. Vários autores encontraram porcentagem maior de animais consanguíneos, como Mostert e Exley (2000, pg.89), Reis Filho (2006, pg.36), Carolino e Gama (2007, pg.22), Peixoto et al. (2010, pg.179), Melka et al. (2013, pg.480), Piccoli et al. (2014, pg.1923) e Okamura (2015, pg. 53) com respectivamente 23%, 34,5%, 60,43%, 53,07%, 93% e 97%, 60,68 e 73,58%, 96% de animais consanguíneos em seus estudos. Coeficientes médios de endogamia para animais consanguíneos similares foram encontrados nos estudos de Piccoli et al. (2014, pg.1923) com Shorthorn e Lopa (2015, pg.36) com Braford. Vários outros estudos apresentaram coeficientes bem menores aos calculados neste estudo. A maior

porcentagem de animais consanguíneos dentre todas as raças foi encontrada em estudo de Cleveland et al. (2005) com animais Hereford nos Estados Unidos.

Ao analisar e ponderar respostas sobre médias de uma população com registros tão antigos se encontram dois vieses antagônicos. Um deles, já comentado, se trata da diluição do valor real do coeficiente de consanguinidade dentro de uma população, embora seja positivo ter amplo conhecimento de várias gerações de ancestrais da raça. O segundo, se refere a distribuição temporal destes animais consanguíneos dentro da população, bem como o coeficiente de consanguinidade médio destes indivíduos. Uma população com registros antigos e completos como o Shorthorn criado no Brasil, poderia ter animais extremamente consanguíneos em seus anos iniciais, e demonstraria coeficiente de consanguinidade mais suave nas décadas mais recentes, e vice-versa. Portanto, apenas a análise de números de maneira sumaria e definitiva pode acarretar a erros no processo de entendimento do status da população.

A tabela 22 nos indica que a média de parentesco da raça Shorthorn deste estudo é menor que os valores encontrados por Piccoli et al. (2014, pg.1923) para o Shorthorn e o Hereford, mas apresenta valores levemente menores quando verificamos dados da raça Afrikaner (PIENAAR et al., 2015, PG.53) e Hereford (PICCOLI et al., 2014, pg.1923), e quase que um terço inferior aos dados de Peixoto et al. (2010, pg.170) com Guzerá. Os dados de Aberdeen Angus e Devon obtidos por Piccoli et al. (2014, pg.1923) são 280% e 780% superiores, respectivamente.

Tabela 22. Sumario dos parâmetros populacionais, média de parentesco, aumento de consanguinidade reportados em diferentes raças.

Parâmetro	Outros estudos
Média de parentesco	1,1% (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170) 0,27% (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 0,89% (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 2,42% (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 0,25% (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 0,44% (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
Média de gerações completas	2,6 (HOL PT) (VASCONCELOS et al., 2005, pg.35) 1,67 (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.1701) 2,67 (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 5,70 (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 5,83 (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 3,27 (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)

Máximo coeficiente de consanguinidade	1,86 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53) 44,30% (GIR BR) (QUEIROZ et al., 2000, pg.1016) 37,55% (BONS SA) (MOSTERT e EXLEY, 2000, pg.89) 76% (HER USA) (CLEVELAND et al., 2005, pg.995) 44,70% (HOL CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211) 35,78% (JER CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211) 45,40% (AYR CAN) (SEWALEN et al., 2006, pg.2211) 31,7% (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170) 47,66% (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 39,93% (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 42,94% (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 43,75% (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923) 32,02% (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.31) 37% (BRAFR BR) (LOPA, 2015, pg.36) 32,73% (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 48,25% (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 56,25% (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 40,65% (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 47,58% (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 44,14% (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 38,28% (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7) 14,10% (NEL BR) (LOPES et al., 2016, pg.180) 29,9% (HER USA) (SUMREDDEE et al., 2018, pg.39) (PED) 38,4% (HER USA) (SUMREDDEE et al., 2018, pg.39) (ROH)
Aumento da consanguinidade por geração completa	1,14% (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.38)
Aumento da consanguinidade por geração equivalente	0,74% (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.38) 0,93% (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477) 1,07% (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477) 1,26% (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477) 1,09% (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477) 0,80% (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
Tamanho efetivo da população	17,2 (WAG JAP) (NOMURA et al., 2001, pg.370) 67,38 (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.38) 8,0 (CHIL UK) (WILLIAMS et al., 2015, pg.20)

O coeficiente de endogamia (1,68%) e o coeficiente médio de parentesco (0,31%) estão intercalados entre si. Pois quanto maior o valor do coeficiente de parentesco entre os animais, a tendência do coeficiente de endogamia é aumentar entre as gerações. Os dados da tabela 22 nos mostram um coeficiente de parentesco dentro do aceitável para a população se manter com variabilidade genética dentro de parâmetros plausíveis. Gutierrez (2003, pg.53) encontrou valores similares na raça Morucha, em que os valores encontrados entre os coeficientes de endogamia e parentesco indicam o típico manejo de melhoramento de raças em que os reprodutores são geralmente nascidos no mesmo rebanho e o intercâmbio de animais com outros rebanhos não é freqüentemente realizado.

A média de gerações completas (Tabela 9) deste estudo foi inferior ao reportado por Vasconcelos et al. (2005, pg.35) e Piccoli et al. (2014, pg.1923),

mas um pouco superior ao descrito por Peixoto et al. (2010, pg.1701) e Pienaar et al. (2015, pg.53).

Os índices de aumento de consanguinidade por geração completa (1,77%) e por geração equivalente (1,03%) estão acima do 1% proposto pela FAO (1998) como sendo salutar para manter a diversidade genética de uma população. Os valores encontrados não são comprometedores com um gargalo genético iminente, mas o rápido decréscimo no número de registros na raça Shorthorn causará aumento na probabilidade de perda da diversidade genética e no coeficiente de consanguinidade da população.

O máximo coeficiente de consanguinidade encontrado nesta população foi de 47,66%, valor idêntico ao encontrado em estudo anterior, sendo provável ser o mesmo indivíduo encontrado e descrito por Piccoli et al. (2014, pg.1923). Em todos os trabalhos onde o coeficiente máximo de endogamia para um animal foi descrito, os valores encontrados variam entre 31,7% (PEIXOTO et al., 2010, PG.170) e 56,25% (SANTANA JR. et al. 2016, PG.7), ambos os estudos com bovinos Guzerá. Exceção ocorre em estudo de Lopes et al. (2016, pg.180) com a raça Nelore.

Os dados obtidos por Melka et al. (2013, pg.477) e Reis Filho (2006, pg.38) mostram similaridade com os do presente estudo quanto ao aumento da consanguinidade por geração equivalente. Somente o tamanho efetivo da população para esta geração foi menor neste estudo quando comparado aos dados obtidos por Reis Filho (2006, pg.38) ao estudar a raça zebuína Gir.

O grau de complementaridade do pedigree foi avaliado pelo índice proposto por MacCluer et al. (1983). Neste, é criado um coeficiente para Completude de Pedigree (PEC) para quantificar as possibilidades de detecção de endogamia no pedigree, onde a proporção de ancestrais conhecidos na geração e o número de gerações são tomados em conta. Este índice é específico no sentido de que um valor não pode ser traduzido em um viés esperado no coeficiente calculado de endogamia. No entanto, sendo uma média harmônica, o índice tem um valor zero se um pai é desconhecido, não importando o quanto pedigree é conhecido pelo outro pai (SORENSEN et al., 2005, PG.1866).

O tamanho efetivo da população, N_e , é o número de animais reprodutores que levaria ao aumento real da endogamia se contribuíssem igualmente para a próxima geração. Em geral, N_e foi bastante baixo nas raças espanholas, em estudo conduzido por Gutierrez (2003, pg.55) variando de 21 a 123. Populações subdivididas podem originar aumentos na endogamia comparável àquela de populações menores. Fato este que ocorre na raça Shorthorn, visto que os rebanhos são tratados como subpopulações sem intercambio de genética.

O N_e da população efetiva foi menor que o encontrado por Reis Filho (2006, pg.38) ao estudar a raça zebuína Gir no Brasil. Entretanto se mostrou em relativa segurança quando comparada com a raça japonesa Wagyu no estudo de Nomura et al. (2001, pg.370) e aos dados obtidos por Williams et al. (2015. Pg. 20) no estudo com o gado selvagem de Chillingham, que apresentou N_e de 8 e uma continua endogamia de pelo menos 67 gerações.

Todos os animais com ambos os pais desconhecidos são considerados como fundadores. Além disso, se um animal tiver um pai conhecido e um desconhecido, o pai desconhecido é considerado como um fundador. O número total de fundadores contém informações limitadas sobre a base genética da população. Em primeiro lugar, presume-se que os fundadores não estejam relacionados, porque seus parentescos são desconhecidos (SORENSEN et al., 2005, PG. 1867).

A tabela 23 mostra que a raça Shorthorn possui uma população efetiva de fundadores superior aos encontrados em outros dois estudos, da mesma maneira que, a consanguinidade esperada pela contribuição dos fundadores é inferior a encontrada no estudo de Peixoto et al. (2010, pg.170).

Tabela 23. Sumario dos parâmetros populacionais, tamanho efetivo da população, fundadores e ancestrais, ancestrais que respondem por 50% da população reportados em diferentes raças.

Parâmetro	Outros estudos
Tamanho da população efetiva de fundadores	318,56 (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170) 396,16 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
Consanguinidade esperada pela contribuição dos fundadores de forma não balanceada	0,16% (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170)
Número de fundadores	93.765 (HOL PT) (VASCONCELOS et al., 2005, pg.35) 6.842 (ALEN PT) (CAROLINO e GAMA, 2007, pg.23)

	6.307 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	2.335 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	293 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	2.018 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	975 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	4.980 (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	10.194 (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1.977 (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	27.867 (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	537 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.33)
	288 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	21.263 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	18.912 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	9.937 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	1.720 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	418.475 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	969 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
Número de ancestrais	19.080 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	2.106 (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170)
	4.268 (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	8.616 (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1.751 (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	25.434 (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	2.388 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.33)
	226 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
Número efetivo de fundadores/ Ancestrais para a população referência	121,6/ 55 (ALEN PT) (CAROLINO e GAMA, 2007, pg.22)
Número de ancestrais que explicam 50% do gene pool	82,4/34,81 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.33)
	33 (ALEN PT) (CAROLINO e GAMA, 2007, pg.22)
	47 (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.170)
	5 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	11 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	4 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	5 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	12 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 480)
	142 (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	76 (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	34 (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	443 (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	13 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.32)
	201 (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	16 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	20 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	25 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	26 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	14 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	11 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	32 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)

O número de fundadores da raça Shorthorn se encontra em uma posição intermediária quanto aos estudos encontrados. Possui uma quantidade um pouco inferior aos encontrados por Piccoli et al. (2014, pg.1923) em estudo com a população de Shorthorn. Mas, uma grande superioridade quando comparada aos fundadores Milking Shorthorn estudados por Melka et al. (2013, pg.480), Senepol por Okamura et al. (2015, pg.33), Afrikaner por Pienaar et al. (2015, pg.53) e por Santana Jr. et al. (2016, pg.7) em seu estudo do zebuino Sindi. Estudos efetuados nas populações das raças Aberdeen Angus e

Hereford (PICCOLI et al., 2014, PG.1923), Holandês por Vasconcelos et al. (2005, pg.35), Brahman, Gir e Nelore por Santana Jr. et al. (2016, pg.7) mostraram número muito superior de fundadores do que os encontrados neste estudo (Tabela 23).

Uma das razões para este parâmetro apresentar baixo valor é o provável uso desbalanceado de reprodutores, indicando que, provavelmente, alguns fundadores foram amplamente usados, enquanto outros tiveram pouca contribuição genética.

Uma população onde os animais têm pedigrees profundos com mais de 7 gerações pode ser caracterizada com um alto número efetivo de fundadores. Portanto, isoladamente, a eficácia do número de fundadores não é uma boa medida de diversidade genética. No entanto, fornece uma base para comparação do tamanho efetivo da população e do número efetivo dos antepassados.

Para o parâmetro número de ancestrais que explicam 50% do gene pool (Tabela 9), deve-se notar que esses valores indicam quanto da endogamia é causada por um uso abusivo de certos fundadores através da sua descendência. As diferenças entre o número efetivo de fundadores e o número efetivo de antepassados reflete a existência de gargalos no pedigree de várias raças. Além disso, um gargalo é logicamente mais frequente em populações com um longo conhecimento histórico de pedigree, como o Shorthorn.

Estudos mostrados na tabela 23 mostram que os dados referentes aos ancestrais são similares em vários estudos, com valores bem acima nesta população ao se comparar com os valores de Afrikaner (PIENAAR et al., 2015, PG.53) e para a raça Senepol (OKAMURA et al., 2015, PG.33).

A proporção entre os números efetivos de ancestrais e de fundadores demonstra pequeno gargalo no pedigree da população avaliada. Os valores encontrados neste parâmetro neste estudo são superiores aos encontrados em estudos com Alentejano de Carolino e Gama (2007, pg.22) e Senepol de Okamura et al. (2015, pg.33), conforme descrito na tabela 23.

Conforme descrevem Sorensen et al. (2005, pg. 1868), o número efetivo de ancestrais não conta a história completa da diversidade genética e também é um pouco dependente da profundidade de pedigrees. No entanto, é útil em

comparação com o número efetivo de fundadores. A proporção dos dois é uma indicação da importância dos estrangulamentos no desenvolvimento da população. Se a relação está próxima, a população tem se mantido estável em termos de número de animais efetivamente contribuintes. Se o efetivo número de fundadores é maior que o número efetivo dos ancestrais, os gargalos têm desempenhado papel na formação da população.

O número de ancestrais que explicam 50% do gene pool da raça Shorthorn foi de 121 indivíduos. Embora seja um número razoavelmente baixo e que denota um cuidado maior para evitar o aumento da endogamia na população, ainda assim é superior a quase todos os valores encontrados em outros estudos com populações maiores. Apenas os estudos de Piccoli et al. (2014, pg.1923) com Hereford e Pienaar et al. (2015, pg.53) com Afrikaner mostraram valores superiores.

Os acasalamentos entre irmãos inteiros e meio irmãos na população referência da raça Shorthorn (Tabela 24) são proporcionalmente maiores às frequências encontradas em estudo de Pienaar et al. (2015, pg.53). Enquanto que os parâmetros entre progenitores e progênie são encontrados em maior porcentagem neste estudo em comparação aos estudos listados.

Tabela 24. Acasalamentos estreitos e número de animais (N) para a população total de bovinos da raça Shorthorn.

Acasalamentos	Outros estudos
Irmãos inteiros	0,03% (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
Meio irmãos	3,52% (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
Pai-mãe e progênie	2,39% (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	0,92% (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1,61% (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1,59% (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	1,17% (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)

Neste estudo os dados de intervalo entre gerações total foram inferiores aos encontrados na literatura revisada (Tabela 25), exceção para os intervalos encontrados nas raças Shorthorn e Hereford de Piccoli et al. (2014, pg.1923) e Braford de Lopa (2015, pg.36). Devemos considerar que intervalo de geração é o período de tempo em que se leva para produzir um indivíduo e exercer comparativo genético deste perante o potencial genético de seus progenitores. Portanto, quanto menor for o intervalo de gerações, mais rápida será a

resposta em seleção genética. Os valores encontrados mostram que os touros e vacas da raça Shorthorn no Brasil tem suas crias em idade mais jovem que os reprodutores e ventres de outros estudos.

Tabela 25. Intervalo de geração e número de observações (N) da população referência para bovinos Shorthorn.

Intervalo		
Pai – filho	9,67 (+-4,91) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)	
	7,49 (+-5,78) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)	
	6,63 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	6,27 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	5,83 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	7,8 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	4,74 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	6,51 (+-4,704) (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)	
	10,86 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.35)	
	9,82 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	13,79 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	9,18 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	11,47 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	9,99 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	6,80 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	8,34 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	Pai – filha	8,29 (+-4,58) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
		7,65 (+-5,57) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
5,67 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)		
5,46 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)		
5,63 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)		
5,80 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)		
4,67 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)		
10,04 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.35)		
6,49 (+-4,146) (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)		
9,06 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
10,95 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
8,07 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
10,91 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
8,93 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
7,10 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
7,41 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)		
Mãe - filho		8,58 (+-4,54) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
		7,22 (+-6,38) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
	5,44 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	4,11 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	4,46 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	5,40 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	3,68 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)	
	5,98 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.35)	
	6,71 (+-3,653) (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)	
	5,10 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	7,53 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	7,34 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	9,92 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	6,54 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	
	6,92 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)	

Intervalo	
	6,61 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
Mãe – filha	7,29 (+-3,77) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	7,34 (+-5,42) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
	4,20 (AYR CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	3,64 (BSW CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	3,45 (CAN CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	4,00 (GUE CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	3,74 (MSHO CAN) (MELKA et al., 2013, pg. 477)
	5,43 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.35)
	6,615 (+-3,514) (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	4,99 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	7,51 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	6,87 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	8,54 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	6,72 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	7,37 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	6,52 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
Total	8,41 (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	7,48 (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
	6,03 (+-7,14) (SHO BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	6,42 (+-3,34) (AA BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	6,28 (+-3,27) (DEV BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	6,04 (+-2,70) (HER BR) (PICCOLI et al., 2014, pg.1923)
	7,81 (SEP BR) (OKAMURA et al., 2015, pg.35)
	6,6 (+-3,9) (AFRIK SA) (PIENAAR et al., 2015, pg.53)
	5,8 (BRAFR BR) (LOPA, 2015, pg.36)
	6,95 (BRA BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	8,93 (GIR BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	7,60 (GUZ BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	9,78 (IND BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	7,93 (NEL BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	7,01 (SIN BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)
	7,20 (TAB BR) (SANTANA JR et al., 2016, pg.7)

Em geral os intervalos entre gerações tendem a ser maiores para os pais pelo uso de sêmen de touros com mais idade e de maior acurácia quanto aos caracteres zootécnicos do que para as mães. Neste estudo, os valores se mostram invertidos pois a influência da inseminação artificial sobre a população total é baixa, sendo de maior influência apenas nas últimas décadas, quando por sua vez, os números da população se tornaram menores.

Os intervalos encontrados na tabela 25 mostram que o intervalo pai e filha(o) somente é maior que os valores encontrados por Melka et al. (2013, pg.477) com as raças Milking Shorthorn e Brown Swiss. Enquanto que no intervalo que reflete os intervalos entre mãe e filha(o), todas as cinco raças leiteiras estudadas por Melka et al. (2013, pg.477), o Senepol estudado por Okamura (2015, pg.35) e Brahman e Tabapuã do estudo de Santana Jr. et al.

(2016, pg.7) apresentaram valores inferiores aos deste estudo que é de 6,1423 anos.

A tabela 26 mostra a idade média dos pais no momento do nascimento da primeira progênie. Todos os estudos comparativos mostram valores em idade superior aos encontrados neste estudo. Basicamente os valores dos outros estudos foram obtidos em trabalhos com raças zebuínas, que são biologicamente mais tardias em sua puberdade e idade à parição que o britânico Shorthorn.

Tabela 26. Idade média dos pais ao nascer a progênie para bovinos Shorthorn

Pai – filho	9,63 (+-5,07) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	8,27 (+-5,78) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
Pai – filha	8,86 (+-4,87) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	8,10 (+-5,64) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
Mãe – filho	7,37 (+-3,75) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	7,39 (+-4,81) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
Mãe – filha	7,34 (+-3,72) (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	7,28 (+-4,96) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)
Total	8,25 (GIR BR) (REIS FILHO, 2006, pg.40)
	7,72 (+-5,33) (GUZ BR) (PEIXOTO et al., 2010, pg.171)

5.2 Raça ovina Romney Marsh

No levantamento dos pedigrees da raça ovina Romney Marsh verificou-se que os mesmos estavam incompletos, provavelmente devido a perdas ocorridas durante sucessivas trocas no sistema computacional de registro. Em vista disso, muitas lacunas nos pedigrees foram encontradas. Apesar destas, foi possível analisar uma grande quantidade de animais com genealogia consistente para se ter informações a respeito da atual situação da raça.

Os registros apresentaram porcentagens de 53% do sexo feminino e 47% dos animais com sexo masculino.

A população geral deste estudo com ovinos Romney Marsh (Tabela 13) é somente inferior aos estudos efetuados por Tino (2016) com a raça Morada Nova, Vostry et al. (2018) com Romanov e Rodriguez-Ramillo et al. (2019) com Lacaune francês. Porém, a população referência deste estudo é a maior e com maior número de anos sob registro comparada a estudos anteriores (Tabela 27).

Tabela 27. Revisão de autores para população e população referência.

Parâmetros	Autores revisados
População	17250 (Thalli PAK) (HUSSAIN, 2006, pg.138)
	2403 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.27)
	5956 (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (PED)
	1681 (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (DNA)
	33840 (Santa Inês BR) (SANTOS, 2015)
	1104 (Anglo Nubiano BR) (NUNES, 2015)
	29080 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.42)
	906 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.56)
	1372 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.56)
	972 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.56)
	5908 (Romney Marsh NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	2298 (Coopworth NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	794 (Perendale NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	414 (Texel NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	1179 (Composto RCP NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	379 (Composto RCPT NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	1625 (Compostorc) NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3)
	26447 (Roman REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.1)
	15326 (Baluchi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.49)
	7344 (Iran Black Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.49)
	6638 (Zandi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.49)
	10015 (Morada Nova BR) (McMANNUS et al., 2019, pg.38)
1861 (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)	

	321 (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA)
	1616 (ManechTête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	329 (ManechTête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA)
	11574 (ManechTêteRousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	1906 (ManechTêteRousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA)
	29255 (LacauneConfed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	3030 (LacauneConfed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA)
	28497 (LacauneOvitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	3114 (LacauneOvitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA)
	5663 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.14)
	10644 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.4)
População	1926 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.31)
referencia	138 (Blackface Mountain IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	3258 (Belclare IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	3050 (Easy Care IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	2265 (Charollais IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	1242 (Galway IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	601 (Llyen IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	793 (Mayo Connemara Mountain IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	3271 (Suffolk IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	7555 (Texel IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	1182 (Vendeen IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	679 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68)
	1178 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.68)
	819 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68)
	4180 (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.4)
	5306 (Morada Nova BR) (McMANNUS et al., 2019, pg.38)
	1322 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.14)
	9912 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)

O presente estudo encontrou coeficiente médio de consanguinidade na população de 2,90%. O coeficiente médio de endogamia para a população referência foi de 3,55% (Tabela 13). Convém observar que os dados utilizados no presente estudo estão incompletos. Deste modo, mesmo com a obtenção de alguns pedigrees intermediários de carneiros com grande quantidade de crias, é factível que, a linha sucessória da progênie foi afetada e, desta maneira, os valores encontrados na média da raça pode não ser o real valor de endogamia. Mesmo assim, esse valor se assemelha aos encontrados em estudos que usaram raças com registros genealógicos antigos e completos como os de Prieur et al. (2017) com Romney Marsh neozelandês analisado por marcadores moleculares em DNA, e no de Rodríguez-Ramillo et al. (2019) com raças francesas. Da mesma maneira Vostry et al. (2018), Rashidi et al. (2018) e MacMannus et al. (2018) encontraram valores superiores aos encontrados

neste estudo. A tabela 28 mostra uma variada gama de estudos anteriores com outras raças que obtiveram valores inferiores ao deste estudo.

Mackinnon e Notter (2003, pg.47) descrevem que o impacto da consanguinidade do cordeiro é maior que o impacto da consanguinidade da mãe sobre o peso dos cordeiros. Mas, citam que a consanguinidade da ovelha mostrou ter impacto sobre a fertilidade de primavera em uma razão de 0,7% para cada 1% de aumento de consanguinidade com um nível de significância de $P < 0,01$. Porém, outras características como data de parição e taxa de sobrevivência do cordeiro não mostraram significância quanto à consanguinidade.

Os coeficientes de regressão linear de características de crescimento na consanguinidade individual descritos por Carolino e Gama (2004, pg.231) demonstram efeito negativo sobre o peso ao nascer (- 2,7 gr), peso aos 45 dias (- 41,1 gr), peso aos 70 dias (- 58,2 gr), ganho de peso diário do nascimento aos 45 dias (-0,86 gr), ganho de peso diário dos 45 aos 70 dias (- 0,59 gr) e ganho de peso diário entre o nascimento e os 70 dias (- 0,77 gr) para cada 1% de coeficiente de consanguinidade.

A raça ovina Thalli, encontrada no Paquistão, foi estudada para verificar o efeito da endogamia sobre o crescimento pré desmame. A consanguinidade teve efeito significativo no peso ao nascer e aos 60 dias ($P < 0,01$), que diminuiram 0,051 e 0,048 kg para cada 1% de aumento no coeficiente de consanguinidade. Porém, as análises revelaram que não ocorreu efeito significativo para o peso aos 90 dias, peso à desmama e ganho de peso pré desmama (HUSSAIN et al., 2006, PG.139).

No estudo de Nunes et al. (2015, pg.2), o efeito da endogamia sobre as pesagens entre o nascimento e os 196 dias de caprinos Anglo Nubiano não foi significativo, porém o resultado pode estar associado ao baixo percentual de animais endogamicos do estudo.

Estudo com ovinos Romanov (VOSTRY et al., 2018, pg.14) mostram que houve impacto negativo no número de crias por parto, sendo de maneira similar ao encontrado em outros estudos descritos no trabalho.

Rashidi et al. (2018, pg.53) em estudo com três raças ovinas do Irã descrevem que o efeito da consanguinidade sobre o peso ao nascer não foi

significativo, entretanto, sobre o peso ao desmame nas raças Baluchi (- 29,35 gr = $P < 0,01$), Iran-Black (- 25,12 gr = $P < 0,05$) e Zandi (- 42,20 gr = $P < 0,05$) os efeitos adversos se mostraram significativos para cada 1% de aumento no coeficiente de consanguinidade. Sobre o ganho de peso diário, o efeito da endogamia não afetou os animais Baluchi, mas influenciou de forma significativa os resultados da Iran-Black (- 0,30 gr) e Zandi (- 4,00 gr) para cada 1% de aumento de consanguinidade.

Tabela 28. Revisão literária de parâmetros de consanguinidade.

Parâmetros	Autores revisados
Consanguinidade população referencia	0,40% (Blackface Mountain IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	2,00% (Belclare IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,01% (Easy Care IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,11% (Charollais IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	2,31% (Galway IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,17% (Llyen IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,00% (Mayo Connemara Mountain IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,46% (Suffolk IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,86% (Texel IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,40% (Vendeen IRL) (MCHUGHES, 2012, pg. 19)
	0,1% (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (PED)
	0,3% (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (DNA)
	0,79% (Santa Inês BR) (SANTOS, 2015)
	1,11% (Anglo Nubiano BR) (NUNES, 2015)
	0,32% (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.42)
	1,81% (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68)
	0,78% (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.68)
	0,78% (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68)
	1,51% (Romney Marsh NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	3,00% (Romney Marsh NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	1,53% (Coopworth NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	2,00% (Coopworth NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	0,75% (Perendale NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	0,20% (Perendale NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	1,20% (Texel NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	0,70% (Texel NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	0,82% (Composto RCP NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	1,00% (Composto RCP NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	0,67% (Composto RCPT NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	0,00% (Composto RCPT NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	0,37% (Compostorc) NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (PED)
	9,20% (Compostorc) NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.3) (DNA)
	5,55% (Roman REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.24)
0,85% (Baluchi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)	
4,54% (Iran Black Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)	
1,22% (Zandi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)	

	6,73% (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.39)
	2,96% (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	3,79% (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	2,98% (Manech Tête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	4,40% (Manech Tête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	2,39% (Manech Tête Rousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	3,68% (Manech Tête Rousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	2,34% (Lacaune Confed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	3,46% (Lacaune Confed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	3,11% (Lacaune Ovitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	4,07% (Lacaune Ovitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	1,38% (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.16)
	1,26% (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.26)
Consanguinidade coancestral	0,7% (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.39)
Consanguinidade media endogamicos	6,4% (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (PED)
	0,97% (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (DNA)
	3,96% (Baluchi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)
	7,85% (Iran Black Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)
	3,61% (Zandi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)
	2,55% (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.26)
% endogamicos	1,70% (Thalli PAK) (HUSSAIN, 2006, pg.139)
	1,68% (Churra ESP) (GARCIA-GÁMEZ, 2012, pg.4) (PED)
	12,14% (Anglo Nubiano BR) (NUNES, 2015)
	41,39% (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.42)
	93% (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.10)
	17,98% (Baluchi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)
	51,47% (Iran Black Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)
	33,59% (Zandi Irã) (RASHIDI et al., 2018, pg.50)
	47,18% (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.23)
Maior coeficiente endogamia	37,50% (Thalli PAK) (HUSSAIN, 2006, pg.139)
	58,37% (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.42)
	32,49% (Romney Marsh NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	26,20% (Coopworth NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	14,45% (Perendale NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	25,00% (Texel NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	15,44% (Composto RCP NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	12,70% (Composto RCPT NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	12,89% (Compostorcp) NZ) (PRIEUR et al., 2017, pg.6)
	40,66% (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.10)

Ainda se verifica que a endogamia média entre os animais com algum grau de parentesco está ao redor de 10,31% (Tabela 13), valor este 30% superior ao encontrado na raça Iran Black segundo estudo de Rashidi et al. (2018). Ao se verificar a quantidade de animais endogâmicos, 34,48% neste estudo, encontramos um valor menor aos encontrados no estudo de Rashidi et al. (2018) com a mesma Iran Black, e ainda menores que os valores de Tino (2016) com Santa Inês brasileiro, Vostry et al (2018) com Romanov e Vatankhah (2019) com Lori-Bakhtiani. Ponto importante para esta análise se deve ao fato que o registro de Romney Marsh está apresentando animais com maiores valores de consanguinidade durante as últimas décadas e com uma população que está sendo registrada com um efetivo cada vez menor.

O maior coeficiente de endogamia encontrado em apenas dois indivíduos está dentro das médias encontradas em outras populações ovinas mais numerosas com animais endogâmicos. Na população referência os coeficientes superiores a 6,25% de consanguinidade, valor dito como máximo aceitável pela maioria dos pesquisadores, somam 22,15% do efetivo registrado (Figura 8).

O coeficiente de parentesco da raça Romney Marsh (Tabela 29) está dentro dos parâmetros encontrados em outros estudos, porém é superior ao obtido com a raça brasileira Morada Nova no estudo de MacMannus et al. (2019). Os autores, avaliaram uma população menor, porém de maior coeficiente de consanguinidade. Outros estudos mostram valores superiores para a endogamia, bem como, para o coeficiente de parentesco demonstrando maior erosão genética.

O valor encontrado para o aumento de consanguinidade por geração completa é superior ao ser comparado a outros estudos, denotando tendência ao incremento da endogamia a níveis superiores aos aceitos pela FAO (1998), que prescreve um aumento na consanguinidade em 1% por geração, com fim de manter a variabilidade genética da população (Tabela 13). O aumento da consanguinidade por geração máxima e geração equivalente são também superiores aos preconizados pela FAO (1998).

Tabela 29. Revisão de vários autores no que refere à parâmetros da população Romney Marsh.

Parâmetros	Autores revisados
Coeficiente de parentesco	0,29% (Santa Inês BR) (SANTOS, 2015)
	3,10% (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.42)
	5,17% (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68)
	4,98% (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.68)
	4,98% (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68)
	6,70% (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.24)
	1,46% (Morada Nova BR) (McMANNUS et al., 2019, pg.39)
	2,48% (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.16)
	2,27% (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.26)
	1,11% (Santa Inês BR) (SANTOS, 2015)
Aumento consanguinidade geração completa	1,00% (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.24)
	0,29% (Morada Nova BR) (McMANNUS et al., 2019, pg.39)
	0,99% (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	0,85% (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	0,94% (Manech Tête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	0,62% (Manech Tête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	0,45% (Manech Tête Rousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	0,46% (Manech Tête Rousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	0,19% (Lacaune Confed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	0,22% (Lacaune Confed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)
	0,22% (Lacaune Ovitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (PED)
	0,14% (Lacaune Ovitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3) (DNA ROH)

Os fundadores e ancestrais efetivos (Tabela 29) foram iguais, de forma semelhante aos estudos de Rodrigues (2009) e McMannus et al. (2019) com a raça Morada Nova. Um número de fundadores com contribuições mais equilibrada, mostra um (fe) maior, desejado para produzir a mesma diversidade genética. O número efetivo de ancestrais (fa) é o número mínimo de antepassados. Esse valor complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores que representam as perdas de variabilidade genética produzidas pelo uso desequilibrado de indivíduos reprodutores que produzem gargalos genéticos na população.

O número de ancestrais que explica 50% da variabilidade genética na população foi de apenas 16 indivíduos, o que demonstra uma contribuição

desbalanceada de ancestrais para a diversidade genética da raça Romney Marsh. Assim, os acasalamentos devem ser direcionados de forma cuidadosa para evitar problemas relacionados com consanguinidade.

Tabela 30. Quantidade de fundadores e ancestrais efetivos na população Romney Marsh.

Parâmetros	Autores revisados
Fundadores efetivos	20 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.31) 29,54 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68) 38,60 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.68) 29,43 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68) 92,96 (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.24) 42 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.39) 47 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.15) 109 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
Ancestrais efetivos	20 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.31) 17 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68) 13 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.68) 19 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68) 47,41 (ROMAN REP TCHE) (VOSTRY et al., 2018, pg.24) 42 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.39) 37 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.15) 98 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
Ancestrais que contribuem na população	253 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.31) 91 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68) 164 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.68) 99 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68)
Ancestrais que explicam 50% população	10 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.31) 7 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.68) 5 (Somalis BR) (TINO, 2016, PG.68) 10 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.68) 22 (Morada Nova BR) (McMANNUS et al., 2019, pg.39) 14 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.15) 30 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)

Uma das razões para a erosão genética de uma população ocorre quando seus efetivos populacionais decrescem. Fato que vem ocorrendo com a raça Romney Marsh. A figura 4 demonstra que as médias de animais consanguíneos na população durante os anos de 1980 estavam dentro de um patamar aceitável, mesmo que a endogamia media entre os animais consanguíneos fosse alta. Este fato ocorre pela diluição da homozigose dos indivíduos endogamicos ao se calcular a média da população. Além do fator matemático por si só, esta diluição também ocorre pela maior quantidade de

indivíduos dentro da raça, o que possibilita maior troca de genes entre os rebanhos. A figura 5 mostra de maneira clara que o número de animais registrados vem decrescendo ano após ano nas últimas quatro décadas. Se observa que o número de animais com algum grau de homozigose genética tende a aumentar dentro da população conforme diminuem os registros de indivíduos. Durante o início dos anos de 2010, a quantidade de indivíduos endogâmicos e a média de consanguinidade destes era quase igual à média de endogamia dos animais registrados naquele quadriênio.

A figura 6, foi construída para demonstrar a resposta que a raça estava tendo a introdução de novo material genético. Assim, mostra claramente que “sangue outcross” pode ter efeito determinante no refrescamento de uma população fechada. Se verifica que nos registros ocorridos durante 2017 o número de animais endogâmicos apresentou queda. No ano anterior ocorreu a importação de um carneiro do Uruguai que tem sangue totalmente aberto para o rebanho nacional. Já se observa no ano seguinte que os registros de animais consanguíneos diminuem. A figura 7 demonstra o mesmo fato, onde se observa a diminuição da consanguinidade dos animais registrados naquele ano. Embora a consanguinidade média anual tenha tido um pequeno aumento, a média de endogamia dos consanguíneos ainda persiste em queda leve.

O ponto chave é que se faz necessária a introdução de novos sangues. Mesmo que poucos, animais importados e de genética outcross já mostram alívio na pressão da endogamia na população. Porém, é crucial que estas importações de material genético para renovar as linhas de sangue sigam um esquema organizado, onde acasalamentos sejam dirigidos de maneira consciente e que os reprodutores escolhidos tenham algo de novo para acrescentar a população existente no país.

A inseminação artificial em ovinos não é uma técnica utilizada em grande abrangência, o que faz que o uso de monta natural seja uma atividade dominante nos rebanhos. A tabela 17 nos descreve os carneiros com maior número de crias após o ano de 1980. Se nota que estes são animais mais antigos, pois atualmente os rebanhos de Romney Marsh são compostos de poucas ovelhas por criador, exceção a um rebanho que possui grande quantidade de ventres e mais algum outro com uma quantidade mediana de

animais. A diminuição no efetivo de animais dentro dos rebanhos se deve à diversas causas, dentre elas a predação humana e animal, dificuldade de mão de obra, e mercado laneiro pouco atrativo.

A raça ovina Romney Marsh se mostra ser longeva e prolífica, tais são os dados obtidos ao estudar os números de crias obtidos por ventre. A incidência de partos duplos é grande, o que promove maior rendimento financeiro ao produtor. Bem como ventres que se mantem saudáveis e por mais tempo nos rebanhos diminuem os custos com reposição e aumentam a quantidade de animais para descarte, observações que são descritas nas tabelas 18 a 20.

O intervalo entre gerações encontrado neste estudo para a raça Romney Marsh (4,0488 anos) não está muito distante do que foi encontrado em outros estudos com ovinos. Na tabela 31 os valores encontrados nos estudos de Rodrigues (2009, pg.35) com Morada Nova, Tino (2016, pg.45) com Santa Inês, e Rodríguez-Ramillo et al. (2019, pg.3) com Basco Bearnese e Manech Tête Noire foram bem acima dos resultados aqui encontrados. Valores inferiores à média deste estudo foram descritos por Tino (2016, pg.56) com uma população de Santa Inês e Somalis Brasileiro, MacMannus (2019, pg.40) com Morada Nova, Illa (2019, pg.18) ao estudar Nellore e Rodríguez-Ramillo et al. (2019, pg.3) com a leiteira francesa Lacaune. Os intervalos entre gerações para machos e fêmeas são diferentes. Em geral há necessidade de substituir os machos mais cedo e, com isso, apresentar intervalos entre gerações mais curtos. A maioria das fêmeas jovens são mantidas para reposição, o que leva a baixa intensidade de seleção nas fêmeas, mas também à maiores intervalos entre gerações, visto que as fêmeas são mantidas por um período maior de tempo de sua vida reprodutiva na propriedade. Ainda, se a longevidade peculiar da raça Romney Marsh faz com que os ventres permaneçam mais tempo em reprodução, em especial aquelas que parem gêmeos, visto que há uma seleção por esta característica.

Menores intervalos de gerações propiciam maior taxa anual de ganho genético quanto às características selecionadas. Uma das prováveis explicações para o elevado intervalo de geração médio é a contínua utilização de determinados reprodutores, sem rápida substituição por seus descendentes.

Tabela 31. Intervalo entre gerações para a raça Romney Marsh comparativo com autores revisados.

Parâmetros	Autores revisados
IG – PAI-FILHO	6,24 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.35)
	5,69 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.45)
	2,82 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,01 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,22 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,20 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.40)
	2,58 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.18)
	3,75 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
	3,75 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
IG – PAI-FILHA	5,71 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.35)
	5,71 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.45)
	3,02 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,60 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,90 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,60 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.40)
	2,83 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.18)
	4,29 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
	4,29 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
IG – MÃE-FILHO	3,56 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.35)
	5,80 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.45)
	3,70 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,27 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,44 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,50 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.40)
	4,11 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.18)
	4,30 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
	4,30 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
IG – MÃE-FILHA	4,34 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.35)
	5,80 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.45)
	4,12 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,74 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.56)
	4,44 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,70 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.40)
	3,94 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.18)
	3,94 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
	3,94 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
IG – TOTAL	4,98 (Morada Nova BR) (RODRIGUES, 2009, pg.35)
	5,75 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.45)
	3,54 (Santa Inês BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,40 (Somalis BR) (TINO, 2016, pg.56)
	4,08 (Morada Nova BR) (TINO, 2016, pg.56)
	3,60 (Morada Nova BR) (McMANNUSet al., 2019, pg.40)
	3,38 (Nellore IND) (ILLA, 2019, pg.18)
	4,11 (Lori-Bakhtiari Irã) (VATANKHAH, 2019, pg.25)
	4,95 (Basco Bearnese FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3)
	4,51 (Manech Tête Noire FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3)
	4,20 (Manech TêteRousse FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3)
	3,61 (Lacaune Confed FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3)
	3,55 (Lacaune Ovitest FRA) (RODRÍGUEZ-RAMILLO et al., 2019, pg.3)

6. CONCLUSÕES

Após análise dos registros da raça bovina Shorthorn e da raça ovina Romney Marsh observou-se a presença de estreitos gargalos em seus pedigrees, que ocorreram principalmente devido ao uso intensivo de poucas linhas de reprodutores pais e ao alto grau de uniformidade genética da população. Como estas raças são submetidas à seleção, o uso de uma variedade maior de pais pode ser recomendado para ambas, bem como a restrição de acasalamentos entre parentes próximos.

A diversidade genética da raça Shorthorn está em risco sob o ponto de vista geral da população. Os dados mostram aumento superior a 1% do coeficiente de endogamia por geração, bem como crescente número de animais endogâmicos em uma população que diminuiu drasticamente seu estoque, mostrando perigo eminente da raça sofrer erosão genética devido a diminuição da população e a pouca oferta de material genético para refrescamento de sangue. Faz-se, então, necessário o acompanhamento das linhagens que serão introduzidas para uso no rebanho Shorthorn, a fim de se evitar a importação de touros aparentados com as linhagens existentes no rebanho nacional.

A diversidade genética da raça Romney Marsh corre risco de erosão genética e perdas por endogamia acentuada. Mesmo com o recente aumento do número de criadores, toda a população atual provém de apenas duas origens genéticas. Assim, é necessário a introdução de genes novos para refrescamento de suas linhagens. Para agravar a situação de diversidade genética, o aumento da consanguinidade por geração em nível superior a 1%, e a endogamia média da população atual crescente, se igualando aos valores apresentados pelos animais endogâmicos, torna o Romney Marsh uma raça com forte erosão genética em curto espaço temporal. Equivalente acompanhamento das linhagens a serem importadas se faz necessário, mas, a escassa oferta de material genético a nível global pode tornar tal plano mais complicado de ser implementado.

Conclui-se que ambas as raças aqui estudadas tiveram importância na história da pecuária riograndense, mas hoje estão em situação perigosa. O

Brasil carece de políticas de preservação específicas para raças de menor população, sendo que, as políticas que regem as importações de material genético são criadas de forma geral. Raças com pouco efetivo da população registrada, de qualquer que seja a espécie, devem ter especial atenção no que toca a permissão de material genético, em especial quando se trata do refrescamento de sangue.

Sendo bem provável que o dito “melhoramento” proporcionado por reprodutores com índices zootécnicos superiores venha a ser igualado ou mesmo negativedo pelas perdas causadas pela erosão genética atribuída à consanguinidade, nunca se deve esquecer que o melhoramento zootécnico possui três bases sólidas; a performance, o melhoramento ambiental e a GENÉTICA.

7. CONSIDERAÇÕES GERAIS

O presente estudo teve por objetivo analisar não somente a consanguinidade e os parâmetros populacionais das raças Shorthorn e Romney Marsh. O intuito deste trabalho foi fazer uma conexão com o atual momento vivido por ambas as raças nos seus respectivos registros genealógicos com a longa história de existência destas neste país.

Muitos dos resultados obtidos neste estudo são a resposta de decisões tomadas décadas atrás, por pressão de mercado ou de políticas governamentais que refletiram na formação de um biotipo animal que suprirá mercado consumidor de genética e, por consequência, nos rebanhos comerciais produtores de carne.

A criação de animais de raça pura dentro da zootecnia é uma infinita rede de conexões onde o consumidor final pressiona o mercado fornecedor de matéria prima, que por sua vez demanda o produtor comercial para atender a estas exigências. O criador de genética deve suprir o criador comercial com o produto requerido, moldando assim sua criação. Como foi descrito nos capítulos anteriores ocorreram muitas mudanças de biotipo nos mais de 130 anos de permanência da raça Shorthorn no sul do Brasil.

O Shorthorn possui uma característica que é seu estandar de pelagem, aliás, a pelagem é por assim dizer a marca definida do que hoje conhecemos por raça, seja ela de qualquer espécie. A coloração da pelagem é tida como um fator comercial de influência, e isto já havia sido compreendido pelos mestres formadores das raças modernas nos séculos XVIII.

A pouca incidência de animais vermelho e branco pode ser explicada pelo erro de identificação por parte dos criadores, que confundem os mesmos com os animais de padrão vermelho pouco branco, mas também, pelo fato que animais com pelagem vermelha e branco nunca tiveram grande aceitação em nossos rebanhos. Muitos criadores acreditavam que este padrão “descaracterizava” os animais registrados Puros de Origem, com a aparência de ter havido algum grau de mestiçagem com raças leiteiras em algum ponto da genealogia. Somente após as recentes introduções de sêmen de touros norte-americanos com este típico padrão de pelagem, mais comum e aceito por

aqueles criadores da América do Norte, é que surgiram mais animais no registro genealógico nacional.

A pelagem branca tem seus apaixonados e seus inimigos, por isto nunca encontramos muitos animais desta pelagem, em geral por haver certa confusão com animais da raça Charolês. Embora o fator pelagem em nada afete a qualidade da carne ou suas características reprodutivas, esta confusão relega a pelagem branca em detrimento de outras. Por outro lado, o padrão vermelho obtém preferência por parte dos criadores, sendo comuns rebanhos desta pelagem nos Estados Unidos e Argentina. A fixação do vermelho se deu de maneira mais contundente após a infusão de animais Lincoln Red.

Pode-se afirmar que o rosilho é o padrão de pelagem da raça Shorthorn, mesmo com diminuta população nos campos brasileiros, e mesmo sem saber o correto nome daqueles animais rosilhos, criadores ao verem um animal de pelagem rosilha, também chamada salina por alguns, se tornam quase unânimes nos relatos de que eles fazem parte da raça Shorthorn ou, “Dura” (Durham) como chamam os criadores mais antigos.

Alguns criadores e técnicos que trabalham com pecuária, sugerem que poderia ser interessante para a maior difusão da raça Shorthorn, que esta fosse selecionada para apenas uma coloração de pelagem. Este fato seria demasiado demorado pela codominância dos genes dos diferentes padrões de pelagens, além de causar a perda de muito material genético importante para a manutenção da raça. Particularmente, o fator pelagem é a menor das razões que fazem a raça ainda não possuir uma melhor posição no sistema pecuário nacional.

Os touros usados em inseminação artificial foram em sua grande maioria disponibilizados por centrais de sêmen que comercializam material genético no Brasil. Como de costume, não há nenhuma averiguação com os criadores se o material disponibilizado é de interesse para a raça. Pouco sêmen é oriundo de importação particular por parte de criadores. Em vista disso, nem sempre a genética disponível era a mais adequada para o rebanho nacional. Havendo casos que o material seminal disponível era de animais de biótipo de pouca qualidade racial, o que acarretou piora na qualidade do Shorthorn brasileiro.

Durante quase uma década, apenas três touros tiveram sêmen disponível, e dois deles são estreitamente aparentados em sua genealogia. Swalve et al. (2003) citam que a maior parte da endogamia tem origem na utilização intensiva de touros de Inseminação Artificial, onde a intensidade de seleção é particularmente elevada. Uma das consequências deste processo é fazer com que um número relativamente pequeno de touros, a maior parte com um forte relacionamento familiar, seja responsável pela manutenção de quase todo o efetivo (MIGLIOR et al., 1992. pg.34).

Durante mais de cinco décadas as opções genéticas estavam restritas a determinada origem geográfica, em razão das empresas que comercializam sêmen serem sua totalidade de origem norte-americana. A consequência é que sêmen de touros norte americanos e canadenses dominaram 72,7% da oferta de material genético. Mesmo a esparsa oferta de genética australiana está ligada às empresas estadunidenses, pois as mesmas importavam touros da Austrália, coletando sêmen destes em território americano.

Por razões sanitárias, o sêmen de reprodutores do Reino Unido se manteve indisponível por décadas. Touros daquela origem são em sua maioria da década de 1970, época em que havia relação comercial mais estreita entre os dois países. Somente um touro teve sêmen importado da Inglaterra nos últimos 40 anos. Trata-se de um animal com genética livre de introgressões de outras raças, sendo importado de forma particular justamente por apresentar genótipo livre de raças exógenas, e com a distinta finalidade de preservação do padrão racial original. Embriões com a mesma linhagem pura foram importados na mesma oportunidade.

Muito recentemente, a introdução de material de reprodução oriundo da Argentina se faz presente, o que vem denotando mudança no fenótipo da raça. Contudo, o país vizinho sofre das mesmas mazelas que o rebanho brasileiro, a escassa opção de genética para refrescamento de sangue.

Ao citar distintos autores Kouri (2002), diz que outro fator de impacto para o tema em discussão são as concorridíssimas pistas de exposições, que continuam apontando supercampeões, preteridos por muitos criadores. Os reprodutores que se destacam nos sumários e/ou exposições agropecuárias ganham grande status no cenário nacional e, conseqüentemente,

comercializam grande quantidade de sêmen, onde está contido seu material genético, aumentando rapidamente o fluxo de seus genes na população.

Esta é a realidade do rebanho argentino, onde os touros vencedores da Exposição de Palermo, em Buenos Aires, são levados para centrais de sêmen para fins de coleta. A maioria dos criadores usa estes campeões, que, em razão de sua qualidade inerente, terminam por concorrer novamente na mostra palermitana. Posteriormente, ao lograr vencer, vão para centrais de sêmen, formando uma enorme roda genética sempre relacionada com os campeões das edições anteriores.

Com o uso recorrente de campeões estreitamente relacionados, os touros de origem argentina já demonstram algum grau de consanguinidade, que por sua vez, são transmitidos para a população brasileira. Mas, não somente a genética argentina é responsável por introduzir coeficientes de consanguinidade já na paleta de sêmen. Este estudo mostrou que ao menos treze reprodutores apresentam algum grau de consanguinidade, sendo destes seis argentinos, três canadenses, dois americanos, um australiano, e um inglês. A consanguinidade média encontrada foi de 3,15%, sendo o valor mínimo de 0,39% e o máximo de 15,47% nos touros usados para inseminação artificial.

Os anos entre 1911 e 1920 receberam forte introdução de animais do Uruguai, Argentina e Inglaterra. Com o aumento dos rebanhos e a miscigenação dos rebanhos de bovinos Crioulos procurando uma melhora de suas características de corte, vários reprodutores foram importados destes países, ocasionando diluição nos coeficientes de consanguinidade através dos refrescamentos de sangue.

O mais importante decréscimo nos coeficientes de consanguinidade, e melhoramento dos rodeios de Shorthorn do Rio Grande do Sul, ocorreu entre os anos 1930 e 1940. Nesta época, muitas foram as importações de gado em pé do Uruguai, o que ocasionou refrescamento de sangue imediato dos rebanhos da raça. Elias (2006, pg. 440) cita que de um modo geral as importações de animais não eram somente muito trabalhosas, eram caríssimas, e as que procediam dos países do Prata (Argentina e Uruguai), embora dispendiosas, eram mais simples, e os animais sofriam menos com a

aclimação. Ainda, fatores políticos do conturbado início do século XX tiveram influência sobre a expansão dos gados de pedigree. A maioria dos rebanhos estavam localizados nas áreas que hoje conhecemos como Campanha Gaúcha e Fronteira Oeste, localidades estas que desde os anos de 1890 até 1925 estavam sempre envoltas em revoluções políticas e paramilitares. Nestas regiões se localizam as grandes estancias e por consequência os mercados importadores de genética e consumidor de reprodutores. Elias (2006, pg.53) comenta que a crise que acometeu o Estado no final dos anos 1920 foi tão avassaladora que até mesmo criadores com grandes propriedades viram-se obrigados a se desfazer de seus bens. E que, a comercialização de animais registrados era difícilíssima, com os campos abarrotados de touros. O saldo positivo dessa crise foi que os pecuaristas que não criavam animais de pedigree e talvez nem tivessem condição econômica de adquirir reprodutores puros, também puderam fazê-lo.

Após o término da Revolução de 1923, a paz voltou aos campos do sul do Brasil e os pecuaristas puderam voltar seu interesse e atenção na melhoria de seus rebanhos com importações de gado em pé dos países vizinhos. Com o passar das importações ocorridas na década de 30 e 40, os efeitos da consanguinidade retornaram.

Conforme se vê nos números de registros, a raça Shorthorn teve seu ápice nos anos de 1950 a 1970. Nesta época, também, o biotipo dos animais de pedigree sofreu enorme mudança, com a diminuição de seu tamanho e estrutura. As três raças principais da pecuária mundial, Shorthorn, Hereford e Aberdeen Angus, entraram no que hoje conhecemos como “Old Type” ou “Dwarf Type”, sofrendo perda exagerada de tamanho corporal por razões comerciais ditadas pela Argentina e Inglaterra pós Segunda Guerra. Ambos países possuíam uma relação comercial muito forte, e uma Inglaterra ávida por recursos financeiros e detentora do berço genético das três principais raças de corte mundiais, encontrou uma Argentina com grande riqueza e ávida por reprodutores para o refrescamento e melhoria de seus rebanhos. Portanto, a Argentina queria um animal pequeno e de extremo engorde e a Inglaterra providenciou para que este animal fosse criado e vendido a altas somas para o país da América do Sul.

Esta “febre do old type” se espalhou por outros países pecuários como Estados Unidos, Uruguai e Brasil, ocasionando a diminuição de todos os rebanhos da época. Em determinado momento se descobriu que os “Old Type” não eram o que os consumidores desejavam. Seguindo uma nova onda vinda dos Estados Unidos, as donas de casa queriam uma carne mais saudável e com mais aproveitamento, e os frigoríficos visando melhor rendimento de suas plantas necessitavam um animal de maior tamanho e rendimento, visto que, o custo para abater um novilho de 300 kg e um outro de 700 kg era quase o mesmo. Então, os criadores tiveram que rapidamente mudar o perfil de seus rebanhos, aumentando o tamanho do gado.

Ocorreu então o que chamamos de “New Type”, ou seja, o aumento no tamanho dos animais e sua modernização. Esta nova onda teve início nos anos 1967 nos Estados Unidos, onde vários Herd Books abriram seus registros para aceitar a infusão de outras raças, visando atingir um aumento do tamanho dos rebanhos de maneira rápida e “moderna”.

O Shorthorn abriu de maneira oficial seus registros para várias raças em todos os países onde é criado. A maioria dos registros se encontra para pesquisa online, sendo possível estudar as genealogias até os ancestrais mais longínquos e verificar se há ou não infusões em determinadas linhagens. Nos Estados Unidos as raças mais comumente usadas para “melhorar” o Shorthorn foram o Maine Anjou, o Illawarra, o Holandês e o Chianina. Nos países da América do Sul o mais comum foi a introdução de Lincoln Red após 1973. Argentina e Uruguai usaram massivamente o Lincoln Red.

O Brasil usou Lincoln Red inglês e alguns poucos Maine Anjou franceses. Em ambos os casos, teve o aval do Ministério da Agricultura, que, além de aprovar, normatizou o assunto. Essa concessão perdurou por alguns anos (ELIAS, 2006. Pg.65). De fato, todos os rebanhos de Shorthorn Puros de Origem da época possuíam ao menos um touro Lincoln Red em serviço, além de sêmen nos botijões.

As razões que levaram ao uso do Lincoln Red segundo contato efetuado com criadores de Shorthorn no Brasil, Argentina e Uruguai, foram bem claras e diretas: Aumentar o tamanho e estrutura do gado, perdidos durante os anos dos “Old Type/Dwarf Type”. Ainda, como razão adicional, foi citada a

introdução e fixação do caráter mocho nos rebanhos, e o aumento da proporção de animais de pelagem vermelha de tonalidade mais escura na população.

Portanto, a infusão de Lincoln Red nos rebanhos do Brasil foi sistemática e total, sendo que hoje não há no país nenhum animal Shorthorn que não possua ancestrais Lincoln Red. O mesmo ocorre nos vizinhos Uruguai e Argentina.

O motivo do uso do Lincoln Red na população, de utilizar uma raça que fosse derivada totalmente do Shorthorn e que modernizasse o rebanho naqueles dias, teve sucesso parcial. Em um primeiro momento a progênie era vermelha escura, mas com as gerações seguintes a codominância na pelagem do Shorthorn volta a agir. Usar uma raça co-irmã para manter um grau de pureza foi em vão, pois o Lincoln Red já havia introduzido sangue de Aberdeen Angus 30 anos antes nos rebanhos da Inglaterra.

Se pode dizer então que, os benefícios do uso do Lincoln Red se restringiram à introdução do caráter mocho de maneira mais efetiva e na diminuição dos coeficientes de consanguinidade na população. Mas estes coeficientes diminuíram por um breve período de tempo, pois na década seguinte se observa elevação gradual nos mesmos. O aumento foi causado pela manutenção do uso de touros próprios no repasse dos rebanhos, touros estes que, sejam Shorthorn ou meio sangue Lincoln Red, eram sempre aparentados com os ventres que compunham os rebanhos. A troca de touros e linhagens entre propriedades sempre foi rara entre os criadores de gado pedigree, e como as opções de touros para uso em inseminação eram também escassas, terminava que, todos usavam a mesma genética e não havia motivos para troca de material genético.

Dito isso, o que se verifica hoje na raça Shorthorn é uma população que está se tornando perigosamente pequena e com rebanhos de pequeno tamanho. Assim, correndo perigo para a manutenção de sua variabilidade genética devido a um N_e mínimo e ao aumento da homozigose do rebanho. Para aumentar a dificuldade na manutenção da saúde genética da raça, as atuais exigências para importação de material genético se tornam mais restritivas onde, somente é permitida a importação de sêmen de reprodutores

com alguma prova de avaliação zootécnica. Desde o ponto de vista de melhora de performance é positivo, porém para o refrescamento de sangue é sem dúvida um desastre. A razão desta conclusão baseia-se no fato que as opções de touros Shorthorn em centrais no mundo são poucas, ainda, muitos dos touros disponíveis podem até possuir dados zootécnicos com números satisfatórios, mas do ponto de vista de pureza racial e biotipo deixam muito a desejar. Raças com pequena população e que podem sofrer deterioração genética muito rápido, deveriam ter uma política de importação de sêmen com melhor conhecimento por parte dos técnicos governamentais.

Embora ainda visto como uma ferramenta de pouca valia, o estudo do coeficiente de consanguinidade está cada vez mais presente em sites de associações de criadores e entidades de registros genealógicos.

A determinação e o eficiente manejo da endogamia tem sido, e deverá ser, um importante objetivo em programas de pecuária para assegurar que as populações possam adaptar-se a futuros objetivos de reprodução, manter a diversidade genética e evitar a acumulação dos efeitos prejudiciais associados à endogamia.

O uso de informações de pedigree para estudar a endogamia é limitada, pois depende das corretas informações de pedigree, que muitas vezes contém erros de parentesco ou não possuem pedigrees longos e completos o suficiente para um estudo mais rigoroso. Segundo Wiggans et al. (2012) a confirmação de parentesco utilizando informações genômicas mostrou que a frequência de erros identificados podem chegar a 13,9% dos pedigrees.

Hoje as técnicas de biotecnologia e os marcadores moleculares estão com maior grau de segurança em seus protocolos, e podem, portanto, serem usados para seleção de características de interesse econômico, para reproduzir e multiplicar genética de importância zootécnica e, também, detectar genes desfavoráveis e medir a endogamia.

A reprodução seletiva convencional tem por foco melhorar a genética dos animais. Isso inclui testes de progênie e programas de seleção. Tecnologias como a inseminação artificial, transferência de embriões por superovulação e transferência de embriões por fertilização *in vitro* quando aplicadas promovem grande melhoria na produtividade das raças.

As modernas técnicas de uso de marcadores moleculares servem para verificar o coeficiente de endogamia dos indivíduos. Desta maneira se obtém um resultado mais acurado da homozigose de um indivíduo, mesmo que este não tenha informação de genealogia completa. Marcadores moleculares servem para detectar genes deletérios que irão causar depressão endogâmica na população, e ainda ajudar a excluir animais que possuam genes letais.

A consanguinidade foi a primeira forma de seleção para a formação e melhora das raças de animais domésticos. A tecnologia atual faz com que o uso da consanguinidade atinja um patamar mais alto através da seleção de animais com biotipo excelente e características desejáveis, sem correr os riscos anteriores da depressão endogâmica, através do descarte destes genes dentro de uma população.

8. BIBLIOGRAFIA CITADA

AARON, DEBRA K. Inbreeding in Sheep, Animal and Food Sciences - ASC-223 - University of Kentucky College of Agriculture, Food and Environment Cooperative Extension Service. 2014.

ALDERSON, Lawrence. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In Genetic Conservation of Domestic Livestock II, Eds. Alderson, L. and Bodo, I., CABI, Wallingford, UK. p. 18-29. 1992.

ALDERSON, Lawrence. **A Breed of Distinction – White Park Cattle: Ancient and Modern**. Shrewsbury, Shropshire. Inglaterra. Countrywide Livestock Ltd. 1997. 168 p.

ALDERSON, Lawrence. Breeding Systems for Rare Breeds. **The Ark – The Journal of the Rare Breeds Survival Trust** RBST. v. XXV. n. 1. p. 17-19. 1997

ALVAREZ, Ezequiel Perez; METHOL, Ricardo y CORONEL, Fernando. **Apuntes de lanares y lanas – Razas**. Montevideo – Uruguay. SUL – Secretariado Uruguayo de la Lana. 1986. 130 p.

American Shorthorn Association. **Horizons of Tomorrow**. Membership Information Guide. Omaha. Nebraska. USA. 25 p.

American Shorthorn Association. **Rules and Regulations**.
<https://shorthorn.org/wp-content/uploads/2018/10/1-Final-ASA-Rules-and-Regulations-9.27.18-live-9.27.18ocx2.pdf>. Acesso em 12 março 2019.

Associação Nacional de Criadores Herd Book Collares. **Regulamento do Serviço de Registro Genealógico de Bovinos**.
<http://www.herdbook.org.br/institucional/conteudo/documentos/REGULAMENTO%20BOVINOS%202013.pdf>. Acesso em 08 março 2019

ATHANASSOF, Nicolau. **Manual do Criador de Bovinos**. 2nd edição. São Paulo, SP, Brasil. Edições Melhoramentos. 1941. 766 p.

BAUD, S.; HYGATE, L.; GODDARD, M. A Feedlot Sire Evaluation Scheme to improve the commercial competitiveness of Australian Grain Fed Beef. Meat & Livestock Australia Limited. SYDNEY NSW. Australia. 89 p. 1996.

BEEF SHORTHORN SOCIETY OF UK, <https://www.beefshorthorn.org/history-of-the-breed>. Acesso em 10 março de 2019.

BERNARDES, Priscila Arrigucci; GUIDOLIN, Diego G. F.; BUZANSKAS, Marcos Eli; CHUD, Tatiane Cristina Seleguim; LÔBO, Raysildo B.; MUNARI, Danísio P. Análise do coeficiente de endogamia de bovinos de corte da raça Tabapuã e sua relação com características de crescimento e reprodutivas. X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. 2013. Uberaba. **Anais**. 2013.

BHATNAGAR, A.S.; EAST, C.M.; SPLAN, R.K. Genetic variability of the Norwegian Fjord horse in North America. **Animal Genetics Resources Information (AGRI)**. Nº 49. p.43-49. 2011. FAO. Rome. Italy

BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genet. Sel. Evol.**, n. 29. p. 5-23. 1997.

BOLDMAN, K. G., L. A. KRIESE, L. D. VAN VLECK, C. P. VAN TASSELL; S. D. KACHMAN. A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. USDA, ARS, Clay Center, NE, USA. 1995

BOON, Samuel. Managing Inbreeding within Sheep Breeding Programmes, Signet Breeding Services, Updated June 2014 (http://www.signetfbc.co.uk/wp-content/uploads/2014/11/managing_inbreeding_within_sheep_breeding_programmes_june_2014.pdf). Acesso 15 março 2019.

BROWETT, S; MCHUGO, G; RICHARDSON, I.W.; MAGEE, D.A.; PARK, S.D.E.; FAHEY, A.G.; KEARNEY, J.F.; CORREIA, C.N.; RANDHAWA, I.A.S.; MACHUGH, D.E. Genomic Characterisation of the Indigenous Irish Kerry Cattle Breed. **Front. Genet.** 9:51. 2018. doi: 10.3389/fgene.2018.00051

BRUCE, Robert. **50 Years among Shorthorns**. London. England. Vinton & Company Limited. 1907. 216 p.

BURROW, H.M. The effects of inbreeding in beef cattle. **Anim. Breed. Abstr.** n. 61. p.737–751. 1993.

CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Manual de Utilização de Software para a Gestão de Recursos Genéticos Animais. Estação Zootécnica Nacional, Instituto Nacional de Investigação Agrária e Pescas, Portugal (policopiado). 2002.

CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Consanguinidade e depressão consanguínea num efectivo ovino da raça Churra Badana. **Arch. Zootec.** n. 53. p. 229-232. 2004.

CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Indicators of genetic erosion in an endangered population: the Alentejana cattle. **J Anim Sci** published online Aug 20, 2007.

CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. **Genet. Sel. Evol.** n. 40. p. 511–527. 2008. INRA, EDP Sciences, 2008. DOI: 10.1051/gse: 2008018.

CHEONG, Weng Keong. **Inbreeding and population structure studies in the New Zealand Angus breed.** 1977. 174 f. Dissertation (Master Degree in Agricultural Science). Massey University – New Zealand. 1977.

CHILLINGHAM WHITE CATTLE ASSOCIATION.
<https://chillinghamwildcattle.com/history/speculation/>. Acesso em 09 de março de 2019.

CLEVELAND, M.A.; BLACKBURN, H.D.; ENNS, R.M.; GARRICK, D.J. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **J. Anim. Sci.** n. 83. p.992–1001. 2005.

CLUTTON-BLOCK, Juliet & HALL, Stephen J.H. **Two hundred years of British Livestock.** London. England. Natural History British Museum. 1989. 272 p.

CRADDOCK, Susan. Chillingham Cattle. **The Ark - The Journal of the Rare Breeds Survival Trust RBST.** v. XXXII. n. 1. p. 23-25. 2004.

ELIAS, Amilton Cardoso. **O centenário do Herd-Book Collares.** Pelotas, Brasil. Futura.rs Comunicação & Marketing. 2006. 350 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Ed. Longman Group Ltd., Essex, England, UK. 1996.

FAO (Food and Agriculture Organization). **Secondary Guidelines: Management of Small Populations at Risk**. Rome, Italy. FAO Editions, 1998. 112 p.

FAO/ DAD-IS. <http://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/en/>
Acesso em 09 de março de 2019.

FELIUS, Marleen. **Cattle breeds An encyclopedia**. The Netherlands. Missetuitgeverij. Doetinchen, 1995. 800 p.

FISHER, Otis L. **Shorthorn around the world**. Harrisonburg. Virginia. USA. Campbell Copy Center. 1993. 142 p.

FRIES, Ruedi. & RUVINSKY, Anatoly. **The Genetics of Cattle**. Wallingford, Oxon. UK. CABI Publishing. CAB International. 1999, 2004 (reprinted). 710 p.

GARCÍA-GÁMEZ, E.; SAHANA, G.; GUTIÉRREZ-GIL, B. AND ARRANZ, J. Linkage disequilibrium and inbreeding estimation in Spanish Churra sheep. **BMC Genetics** 2012, 13:43 <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/13/43>

GAMA, Luís Telo da. **Melhoramento Genético Animal**. Lisboa. Escolar editora. 2002. 306 p.

GUTIÉRREZ, J. P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genet. Sel. Evol.** n. 35. P.1–21. 2003. DOI: 10.1051/gse: 2002035.

GUTIERREZ, J.P., GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **J. Anim. Breed. Genet.** n. 122. p. 172–176. 2005.

HALL, M.H.; SMITH, W.H.; SCHALLES, R.R. "Effects of inbreeding on postweaning performance of shorthorn beef cattle," *Kansas Agricultural Experiment Station Research Reports*: Vol. 0: Iss. 1. 1976.
<https://doi.org/10.4148/2378-5977.2714>.

HANSEN, C.; SHRESTHA, J.N.B.; PARKER, R.J.; CROW, G.H. & DERR, J.N. Genetic base and inbreeding of Canadienne, Brown Swiss, Holstein and Jersey cattle in Canada. **Animal Genetics Resources (AGRI)**. n 33. p 11-19. 2003. FAO. Rome. Italy.

HERRING, A. D. Genetic aspects of marbling in beef carcasses. 2010. <https://www.semanticscholar.org/paper/GENETIC-ASPECTS-OF-MARBLING-IN-BEEF-CARCASSES-Herring/03e3edb78d47afa3f8f7629336b6dc14f3b4f515>. Acesso em 19 março de 2019.

HOWARD, J.T.; PRYCE, J. E.; BAES, C.; MALTECCA, C. *Invited review:* Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. **J. Dairy Sci.** n. 100. p. 6009–6024. 2017. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12787>.

HUSSAIN, A.; AKHTAR, P.; ALI, S.; YOUNAS, M.; SHAFIQ, M. Effect of inbreeding on pre-weaning growth traits in Thalli sheep. **Pakistan Vet. J.** n. 26(3). p. 138-140. 2006.

IBGE. **Efetivo dos rebanhos**. <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/3939#resultado> . Acesso em 17 de março de 2019.

ILLA, S. K.; GOLLAMOORI, G.; NATH, S. Evaluation of selection program by assessing the genetic diversity and inbreeding effects on Nellore sheep growth through pedigree analysis. **AJAS**. DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.18.0553>

JOHNSTON, D. J.; GRASER, H.U. Estimated gene frequencies of GeneSTAR markers and their size of effects on meat tenderness, marbling, and feed efficiency in temperate and tropical beef cattle breeds across a range of production systems. **J. Anim. Sci.** n. 88. p. 1917–1935. 2010. doi:10.2527/jas.2009-2305.

KELLEHER, M. M.; BERRY, D. P.; KEARNEY, J. F.; MCPARLAND, S.; BUCKLEY, F.; PURFIELD, D. C. Inference of population structure of purebred dairy and beef cattle using high-density genotype data. **Animal** 11:1, p 15 – 23. 2017. doi:10.1017/S1751731116001099.

KOURY FILHO, William. Mitos e realidades sobre consanguinidade ou endogamia. **Revista ABCZ**. Ano 2. n. 10. Setembro-outubro 2002.

LARA, Maria Aparecida Cassiano; FIORINI, L. C.; RESENDE, Flavio Dutra; SIQUEIRA, Gustavo Resende; FARIA, Marcelo Henrique de; SIGNORETI, Ricardo Dias; MACHADO, Jean Pierre Martins. Polimorfismo no exon 2 do gene leptina pela técnica de PCR/RFLP em bovinos. In: 54º Congresso Brasileiro de Genética, 2008, SALVADOR. 54º Congresso Brasileiro de Genética. **Anais**. Ribeirão Preto: SBG. p. 237. 2008.

LEGATES James Edward & WARWICK, Everett James. **Breeding and improvement of farm animals**. Eighth edition. McGraw-Hill Publishing Company. 1990. 342 p.

LEROY, G. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. **Animal Genetics** 45(5). June 2014. DOI: 10.1111/age.12178.

LINK, Pablo. **Lanares y lanas de la Republica Argentina**. Buenos Aires. Argentina. Imprenta Ferrari Hnos. 1938. 260 p.

LOPA, Thais Maria Bento Pires. **Estudo da estrutura populacional da raça Braford com base no pedigree**. 2015. 59 f. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal). Universidade Federal do Pampa. Uruguaiana, RS, Brasil. 2015.

LOPES, F.B.; MAGNABOSCO, C.U.; SOUZA, F.M. DE; ASSIS, A.S. DE; BRUNES, L.C. Efeito da endogamia sobre pesos pré-desmame em bovinos da raça Nelore mocho criados a pasto no bioma Cerrado. **Arch. Zootec.** n. 65 (250). p. 177-182. 2016.

LUQUE, A.; VALERA, M.; AZOR, P.J.; GOYACHE, F.; RODERO, E.; MOLINA, A. La raza bovina autóctona española Pajuna: Situación actual y programa de recuperación. **Animal Genetics Resources (AGRI)**. n 39. p 1-14. 2006. FAO. Rome. Italy.

LYNCH, Michael. & WALSH, Bruce. **Genetics and Analysis of Quantitative Traits**. Sunderland, MA, USA. Sinauer Associates. 1998. 980 p.

MACEWAN, Grant. **Highlights of Shorthorn history**. Calgary. Alberta. Canada. Comprint Publishing Company. 1982. 256 p.

MACHADO, Jean Pierre Martins; CARDELLINO, Ricardo; DIONELO, Nelson José Laurino. The Shorthorn Breed in Brazil. In: SIMPÓSIO IBERO-

AMERICANO SOBRE CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS. CYTED - EMBRAPA - CNPq., 2000, Corumbá - MS. **Anais** do I Simpósio Ibero-americano Sobre Conservação de Recursos Genéticos Animais. CYTED - EMBRAPA - CNPq. 2000. p.41.

MACHADO, Jean Pierre Martins; MARTINS, Tatiana Germano; CARDELLINO, Ricardo Alberto; DIONELLO, Nelson José Laurino. Caracterização fenotípica da raça bovina Shorthorn no Brasil. In: 10º CIC CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA; 3º ENPÓS ENCONTRO DA PÓS-GRADUAÇÃO; 1º ENCITEC ENCONTRO REGIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA; 9º LAP LABORATÓRIO DE PESQUISA. UFPel/ UCPel, 2001, Pelotas. **Anais**. Pelotas: Editora Universitária - UFPel, 2001. p.473.

MACKINNON, Kathryn Michelle. **Analysis of inbreeding in a closed population of crossbred sheep**. Dissertation (Master Science in Animal and Poultry Science) – Faculty of the Virginia Polytechnic Institute and State University. 2003 54 f. Blacksburg, Virginia, USA. 2003.

MANDAL, A.; PANT, K. P.; NOTTER, D. R.; ROUT, P. K.; ROY, R.; SINHA, N. K.; SHARMA, N. Studies on Inbreeding and Its Effects on Growth and Fleece Traits of Muzaffarnagari Sheep. **Asian-Aust. J. Anim. Sci.** Vol 18, n 10, p. 1363-1367. 2005.

MARSON, T.B. **The Scotch Shorthorn**. Edinburgh. Scotland. The Scotch Shorthorn Breeders Association. 1946. 254 p.

MARTINS, Tatiana Germano; MACHADO, Jean Pierre Martins; FERREIRA, Otoniel Geter Lauz; CARDELLINO, Ricardo Alberto; DIONELLO, Nelson José Laurino. Coeficiente de inbreeding na raça bovina Shorthorn. In: 10º CIC CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA; 3º ENPÓS ENCONTRO DA PÓS-GRADUAÇÃO; 1º ENCITEC ENCONTRO REGIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA; 9º LAP LABORATÓRIO DE PESQUISA. UFPel/ UCPel, 2001, Pelotas. **Anais**. Editora Universitário - UFPel, 2001. p.474.

MCHUGH, N.; BERRY, D.; MCPARLAND, S.; WALL, E.; PABIOU, T. **Irish sheep breeding Current status and future plans**. <https://www.sheep.ie/wp/wp-content/uploads/2013/12/Irish-sheep-breeding-Current-status-and-future-plans.pdf>. Acesso em 09 de abril de 2019.

MCMANUS, C.; FACÓ, O.; SHIOTSUKI, L.; ROLO, J.L.J. DE P.; PERIPOLLI, V. Pedigree analysis of Morada Nova hair sheep. **Small Ruminant Research**. 170. p.37-42. 2019.

MELKA, M.G., STACHOWICZ, K.; MIGLIOR, F.; SCHENKEL, F.S. Analyses of genetic diversity in five Canadian dairy breeds using pedigree data. **J. Anim. Breed. Genet.** p. 476-486. 2013. ISSN 0931-2668.

MIGLIOR, F.; VAN DOORMAAL, B. J.; KISTEMAKER, G. Phenotypic analysis of inbreeding depression for traits measured in Canadian dairy cattle breeds. <https://www.cdn.ca/Articles/GEBMAY2008/Filippo%20-%20Inbreeding%20Depression%20-%20GEB%2004-2008.pdf>.

MOSTERT, B.E.; EXLEY, C.A.J. Inbreeding of the Bonsmara cattle breed. *38th Congress of the South African Society of Animal Science*. **South African Journal of Animal Science**. 30(Supplement 1). p. 89-90. 2000.

MUASYA, T.K.; PETERS, K.J.; KAHN, A.K. Breeding structure and genetic variability of the Holstein Friesian dairy cattle population in Kenya. **Animal Genetics Resources Information (AGRI)**. n 52. p.127-137. 2013. FAO. Rome. Italy.

NOMURA, T.; HONDA, T.; MUKAI, F. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. **J ANIM SCI**. 79:366-370. 2001.

NORTHCUTT, S.L.; BUCHANAN, D.S.; CLUTTER, A.C. Inbreeding in Cattle. Oklahoma Cooperative Extension Service. ANSI-3165. <http://osufacts.okstate.edu>.

NSA – National Sheep Association. **British sheep**. 8^o Edition. UK. 1994. 254 p.

NUNES, Samuel Freitas; PAIVA, Renato Diógenes Macedo; SOUSA, José Ernandes Rufino de; SOUSA, Wandrick Hauus de; FACÓ, Olivardo; CUNHA, Elizângela Emídio; ARAÚJO, Bruno Vinícios Silva de; BARBOSA, Carmem Rackhel Morais. Efeito da endogamia sobre características produtivas de caprinos da raça Anglo Nubiana. **Anais XXV CONGRESSO BRASILEIRO DE ZOOTECNIA**. Fortaleza – CE. 2015.

OLORI, V.E.; WICKMAN, B. Strategies for the conservation of the indigenous Kerry Cattle of Ireland. **Animal Genetics Resources (AGRI)**. n 35. p. 37-47. 2004. FAO. Rome. Italy.

OKAMURA, Vinicius. **Estrutura genética da raça Senepol no Brasil por meio de análise de pedigree**. Dissertação 2015. 42 f. (Mestrado em Ciência Animal). Universidade Federal do Mato Grosso do Sul. Campo Grande. 2015.

ORIBE, Felix Buxareo. **Ganado Lanar**. 2ª Edición. Montevideo. Uruguay. Talleres Graficos A. Barreiro y Ramos. 1916. 227 p.

PAYNE, William John Arthur. & HODGES, John. **Tropical Cattle. Origins, breeds & breeding policies**. Oxford. England. Blackwell Science Ltd. 1997. 328 p.

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

PEREZ, B. C.; BALIEIRO, J. C. C.; VENTURA, R. V.; BRUNELI, F. A. T.; PEIXOTO, M. G. C. D. Inbreeding effects on in vitro embryo production traits in Guzera cattle. **The Animal Consortium**. p.8. 2017. doi:10.1017/S1751731117000854. <https://www.cambridge.org/core/terms>. <https://doi.org/10.1017/S1751731117000854>.

PIENAAR, L.; NESER, F.W.C.; GROBLER, J.P.; SCHOLTZ, M.M.; MACNEIL, M.D. Pedigree analysis of the Afrikaner cattle breed. **Animal Genetic Resources**. n 57. p. 51–56. 2015. Food and Agriculture Organization of the United Nations.

PICCOLI, M. L.; BRACCINI NETO, J.; BRITO, F. V.; CAMPOS, L. T.; BÉRTOLI, C. D.; CAMPOS, G. S. J.; COBUCCI, A.; MCMANUS, C. M.; BARCELLOS, J. O. J.; GAMA, L. T. Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assessed by pedigree analyses. **J ANIM SCI**. n. 92. p.1920-1930. 2014. doi: 10.2527/jas.2013-7283

PORTER, Valerie. **Cattle: A handbook to the breeds of the world**. London, UK. Christopher Helm. 1991. 400 p.

PRIEUR, V.; CLARKE, S. M.; BRITO, L. F.; MCEWAN, J. C.; LEE, M. A.; BRAUNING, R.; DODDS, K. G.; AUVRAY, B. Estimation of linkage disequilibrium and effective population size in New Zealand sheep using three

different methods to create genetic maps. **BMC Genetics** (2017) 18:68 DOI 10.1186/s12863-017-0534-2

PRIMO, A. T. El ganado bovino ibérico em las Americas: 500 años despues. **Archivos de Zootecnia**. n 41. p.421-432. 1992.

QUEIROZ, S. A. DE; ALBUQUERQUE, L. G. DE; LANZONI, N. A. Efeito da Endogamia sobre Características de Crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. **Rev. bras. zootec.**, 29(4):1014-1019, 2000.

QUINTINO, Heloise Patrícia; FERRAZ, José Bento Sterman; ELER, Joanir Pereira; MATTOS, Elisângela Chicaroni de; NEUNHAUSS, Luciana. Efeito da endogamia em características produtivas de bovinos da raça Marchigiana. in simpósio pecuária 2000 – perspectivas para o III milênio, 1., Pirassununga, 2000. Anais. Pirassununga: FZEA-USP, 2000. 1 CD-ROM.

RASHIDI, A.; ALMASI, M.; MOKHTARI, M.S. Inbreeding effects on lamb pre-weaning growth traits and survival in three Iranian sheep breeds. **Journal of Livestock Science and Technologies**, 2018, 6 (2): 47-56

REIS FILHO, João Cruz. **Endogamia na raça Gir**. 2006. 61 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa. Minas Gerais. 2006.

RODRIGUES, Daliane da Silva. **Estrutura populacional de um rebanho Morada Nova variedade branca no Estado do Ceará**. 2009. 47 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia). Universidade Federal do Ceará. Fortaleza. 2009.

RODRÍGUEZ-RAMILLO, S.T.; ELSEN, J.M.; LEGARRA, A. Inbreeding and effective population size in French dairy sheep: Comparasion between genomic and pedigree estimates. **J. Dairy Sci.** 102:1–11. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15405>

SANDERS, Alvin Howard. **Shorthorn Cattle**. Chicago. Sanders Publishing. 1918. 1021 p.

SANDERS, Alvin Howard. **Red White and Roan**. Chicago. USA. American Shorthorn Breeders Association. 1936. 630 p.

SANTANA JR., M. L.; PEREIRA, R.J.; BIGNARDI, A.B.; AYRES, D.R.; MENEZES, G.R.O.; SILVA, L.O.C; LEROY, J.; MACHADO, C.H.C; JOSAHKIAN, L.A.; ALBUQUERQUE, L.G. Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu Cattle breeds assessed by pedigrees analysis. **Livestock Science**. n 187. p. 6-15. 2016.

SANTOS, Vanessa da Costa; NETO, Aurino de Araujo Rego; SANTOS, Gleyson Vieira dos; BIAGIOTTI, Daniel; GOMES, Maria Itanalva Dias; SILVA, Crenilde Pachêco da; FERREIRA, Maria Risalva; SARMENTO, Jose Lindenberg Rocha. Consanguinidade ou endogamia em ovinos da raça Santa Inês no meio norte do Brasil. **Anais X Congresso Nordeste de Produção Animal**. 2015. <http://www.cnpa2015.com.br/anais/resumos/R0427-1.pdf> Acesso em 10 de abril de 2019.

SANTOS, Rinaldo dos. **Zebu Brasileiro – 60 anos de registro genealógico**. Uberada, Minas Gerais, Brasil. Editora Agropecuária Tropical Ltda. 1988. 856 p.

SANTOS, Rinaldo dos. **A cabra e a ovelha no Brasil**. Uberaba, Minas Gerais, Brasil. Editora Agropecuária Tropical. 2003. 480 p.

SAS Institute Inc., 2009. Copyright © 2009 SAS Institute Inc., Cary, NC, USA

SERRANO, I.; MAYER, M.; RODERO, A.; JIMENEZ, J.M. Situation of inbreeding in a Retinto population. **Animal Genetics Resources Information (AGRI)**. n. 17. p. 95-102. 1996. FAO. Rome. Italy

SEWALEM, A.; KISTEMAKER, G. J.; MIGLIOR, F.; VAN DOORMAAL, B. J. Analysis of Inbreeding and Its Relationship with Functional Longevity in Canadian Dairy Cattle. **J. Dairy Sci**. n 89. p.2210–2216. 2006.

SHIMBO, Marcelo V.; FERRAZ, José B.S.; ELER, Joanir P.; OLIVEIRA, Fernanda F.; JUBILEU, Juliano S.; FIGUEIREDO, Luís G.G.; MATTOS, Elisângela C. Efeito da endogamia sobre características de desempenho de bovinos da raça Nelore. In **Simpósio Pecuária 2000 – perspectivas para o III milênio**. 1., Pirassununga, 2000. **Anais**. Pirassununga: FZEA-USP, 2000. 1 CD-ROM.

SILVA, Carlos Alberto Soares da; MACHADO, Jean Pierre Martins; FERREIRA, Otoniel Geter Lauz; CORRÊA, Marcela B B; CARDELLINO, Ricardo Alberto; DIONELLO, Nelson José Laurino. Coeficiente de inbreeding na raça bovina

Red Poll. In: 10º CIC CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA; 3º ENPÓS ENCONTRO DA PÓS-GRADUAÇÃO; 1º ENCITEC ENCONTRO REGIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA; 9º LAP LABORATÓRIO DE PESQUISA. UFPel/UCPel, 2001, Pelotas. **Anais** do 10º CIC congresso de iniciação científica; 3º ENPÓS encontro da pós-graduação; 1º ENCITEC encontro regional de ciência e tecnologia; 9º LAP Laboratório de Pesquisa. UFPel/UCPel. Pelotas - RS: Editora Universitária - UFPel, 2001. v.1. p.475.

SKEHEL, Mona. **A taste of Lincoln Red – The history of a hundred years of the Breed Society**. Grange of Lings. Lincoln. Lincolnshire. England. Lincoln Red Cattle Society. 1995. 104 p.

SMITH, C.A, CASSEL, B.G., PEARSON, R.E. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. **J. Dairy Sci.** n. 81. p. 2729-2737. 1998

SINCLAIR, Jamers. **Historia del ganado Shorthorn**. London. England. Vinton & Company Ltda. 1911. 988 p.

Sociedad de Criadores de Shorthorn del Uruguay. **Shorthorn – 50 años, 1944 – 1994**. Montevideo. Uruguay. Entresiglos Ltda. 1994. 92 p.

SOLÉ, M.; GORI, A.S.; FAUX, P.; BERTRAND, A.; FARNIR, F.; GAUTIER, M.; DRUET, T. Age-based partitioning of individual genomic inbreeding levels in Belgian Blue cattle. **Genet Sel Evol.** 49:92.2017.
<https://doi.org/10.1186/s12711-017-0370-x>

SORENSEN, A.C.; SORENSEN, M.K.; BERG, P. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. **J. Dairy Sci.** 88:1865-1872. 2005.

SPLAN, R.K.; SPONENBERG, D.P. Characterization and conservation of the American Milking Devon. **Animal Genetics Resources (AGRI)**. n. 34. p. 11-16. 2004. FAO. Rome. Italy.

<https://www.rbst.org.uk/watchlist-overview> . Acesso em 12 fevereiro 2019.

SPONENBERG, Phillip. and CHRISTMAN, Carolyn J. **A Conservation Breeding Handbook**. American Livestock Breeds Conservancy. North Carolina, USA. Glover Printing. 1995. 136 p.

STEPHENS, T.D.; SPLAN, R.K. Population history and genetic variability of the American Shire horse. **Animal Genetics Resources Information (AGRI)**. n. 52. p. 13-38. 2013. FAO. Rome. Italy.

SUMREDDEE, P.; TOGNIANI, S.; HAY, E. H.; ROBERTS, A.; AGGREY, S. E.; REKAYA, R. Inbreeding depression in line 1 Hereford cattle population using pedigree and genomic information. **Journal of Animal Science**. v. 97, Issue 1, January 2019, p. 1–18, <https://doi.org/10.1093/jas/sky385>.

SWALVE, H. H., ROSNER, F.; WEMHEUER, W. Inbreeding in the German Holstein cow population. Proc. *EAAP – 54th Annual Meeting*, Rome, Italy, 2003. 17.

TINO, Camila Renata de Souza. **Estrutura populacional e análise de variabilidade genética em rebanhos ovinos brasileiros**. 2016. 84 f. Dissertação (Mestrado Ciência e Tecnologia Animal). Universidade Estadual Paulista. Dracena. 2016.

TOCAGNI, Hector. **Bovinos Shorthorn**. Buenos Aires. Argentina. Editorial Albatros. 1980. 109 p.

TRINDERUP, M.; JORGENSEN, J.N.; HANSEN, M. Conservation considerations on Danish Shorthorn Cattle using pedigree analysis. **Animal Genetics Resources (AGRI)**. n. 26. p. 27-33. 1999. FAO. Rome. Italy.

TRINDERUP, M.; JORGENSEN, J.N.; HANSEN, M. Inbreeding and loss of founder alleles in four variations of a conservation programme using circular mating, for Danish Shorthorn Cattle. *Animal Genetics Resources (AGRI)*. n. 25. p. 101-108. 1999. FAO. Rome. Italy.

TSEVEENJAV, B.; BLACKBURN, H.D.; GARRICK, D.J. Variance component estimates for post-thaw sperm variables measured by computer assisted semen analyzer for inbred and noninbred Hereford bulls. **Animal Reproduction Science**. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2018.10.005>. 2018.

VALE, José Miranda do. **Gado Bissulco**. Coleção agrícola “A Terra e o Homem”. Lisboa, Portugal. Livraria Sá da Costa. 1949. 418 p.

VAN VLECK, L. D. Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press, Boca Raton, USA. 1993.

VASCONCELOS, J.; MARTINS, A.; FERREIRA, A.; PINTO, S.; CARVALHEIRA, J. Níveis de endogamia e depressão de endogamia no gado bovino leiteiro em Portugal. **Revista Portuguesa de Ciências Veterinárias**. n. 100. p. (553-554) 33-38. 2005.

VATANKHAH, M. Population genetic structure of Lori-Bakhtiari sheep in Iran by pedigree analysis. **Small Ruminant Research**. (2019), <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2019.02.019>

VENKATARAMANAN, R.; SUBRAMANIAN, A.; SIVASELVAM, S.N.; SIVAKUMAR, T.; SREEKUMAR, C.; ANILJUMAR, R. ANDIYUE, M. Pedigree analysis of the Nilagiri sheep of South India. **Animal Genetics Resources Information (AGRI)**. n. 53. p. 11-18. 2013. FAO. Rome. Italy.

VOSTRY, L.; MILERSKY, M.; SCHMIDOVA, J.; VOSTRA-VYDROVA, H. Genetic diversity and effect of inbreeding on litter size of the Romanov sheep. **Small Ruminant Research**. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2018.09.004>. 2018.

WALTERS, R. Pedigrees bloodlines and mating plans. **The Ark - The Journal of the Rare Breeds Survival Trust** [do] RBST. v. XXIX. n. 2. p. 65-66. 2001.

WEIGEL, K.A. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. **Journal Dairy Science**. n. 84 (E. Suppl.). p. E177-E184. 2001.

WEIGEL, K.A.; LIN, S.W. Using mating programs to control inbreeding. https://www.usjersey.com/Portals/0/AJCA/2_Docs/Genetic-Resources/Inbreeding_Weigel-Lin.pdf Acesso em 09 de abril de 2019.

World Holstein Friesian Federation. <http://www.euholsteins.com/info/documents/InbreedinginHolsteinCattle.pdf>. Acesso em 27 de março de 2019.

WIGGANS, G.R.; VANRADEN, P.M. Calculation and Use of Inbreeding Coefficients for Genetic Evaluation of United States Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**. v. 78. n. 7. p 7. 1995.

WILLIAMS, J.L.; HALL, S.J.G.; DEL CORVO, M.; BALLINGALL, K.T.; COLLI, L.; AJMONE MARSAN, P.; BISCARINI, F. Inbreeding and purging at the genomic level: the Chillingham cattle reveal extensive, non-random SNP heterozygosity. **Stichting International Foundation for Animal Genetics**. n.47. p. 19–27. 2015.

WOOD-ROBERTS, John. **Shorthorn in the 20th century: UK and Ireland**. Suffolk. England. Whittet Books Ltd. 1995. 320 p.

WRIGHT, S. Mendelian analysis of pure breeds of livestock. I - The measurement of inbreeding and relationship. **J. Heredity**. n. 14. p.339-348. 1923