

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL  
FACULDADE DE AGRONOMIA  
CURSO DE ZOOTECNIA**

**JULIANA DEMENTSHUK MACHADO**

**ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA GIROLANDO E EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE  
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS**

**PORTO ALEGRE**

**2018**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL**  
**FACULDADE DE AGRONOMIA**  
**CURSO DE ZOOTECNIA**

**JULIANA DEMENTSHUK MACHADO**

**ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA GIROLANDO E EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE  
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado  
como requisito para obtenção do Grau de  
Zootecnista, Faculdade de Agronomia,  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

**PORTO ALEGRE**

**2018**

JULIANA DEMENTSHUK MACHADO

**ESTRUTURA POPULACIONAL DA RAÇA GIROLANDO E EFEITO DA ENDOGAMIA SOBRE  
CARACTERÍSTICAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como requisito para obtenção do Grau de  
Zootecnista, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Data de Aprovação: \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_

---

Jaime Araujo Cobuci – Doutor em Zootecnia  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

---

Gabriel Soares Campos – Doutor em Zootecnia  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

---

Darlene dos Santos Daltro – Doutor em Zootecnia  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço em primeiro lugar ao professor Jaime pela orientação, paciência e disponibilidade de horários durante o período de estágio. Agradeço aos demais colegas do grupo MegaGen pelo tempo dedicado com discussões e novas ideias. A Carolina por dividir as alegrias e apreensões durante a realização deste trabalho. A minha família mineira que me apoiou com caloroso acolhimento no tempo de estágio e confecção deste. A todos aqueles que de alguma forma estiveram e estão próximos de mim, fazendo cada etapa da vida mais fácil e feliz. Dedico esta conquista, bem como a da conclusão do curso, aos meus pais e demais familiares que sempre me apoiaram durante toda a jornada acadêmica.

## RESUMO

O objetivo do estudo foi avaliar a estrutura populacional da raça Girolando e o impacto da endogamia sobre características de importância econômica. Os dados foram cedidos pela Associação Brasileira de Criadores de Girolando. A população foi subdividida em duas populações referências, uma formada apenas por animais puro-sintéticos (RefPS) e outra com animais de todas as composições genéticas do Girolando (RefPop) nascidos entre 2004 e 2015. Para diminuir o efeito da disparidade do pedigree a taxa de endogamia individual ( $\Delta F$ ) foi utilizada para estimar a depressão endogâmica. O efeito da endogamia no primeiro intervalo de partos (IP), idade no primeiro parto (IPP), produção de leite na primeira (LAC1), segunda (LAC2) e terceira lactação (LAC3) e produção de leite nas três primeiras lactações (LAC123) foram determinados a partir do ajuste dos modelos de regressão (linear, quadrático, exponencial e Michaelis-Menten) sobre o erro gerado pelo modelo animal. O valor da relação número de fundadores e ancestrais efetivos ( $f_e:f_a$ ) foram de 3,27 (RefPS) e 3,06 (RefPop). Na RefPS o coeficiente de endogamia (F) médio foi de 0,0116, com máxima de 0,3773, em que 92,99% dos animais dessa população são endogâmicos. Na RefPop o F médio foi menor (0,0029), com máxima de 0,3773, sendo que 21,25% dos animais são endogâmicos. A grande proporção de animais endogâmicos, principalmente, no puro-sintético refletem a diminuição da diversidade na raça. Os resultados do efeito do F serão apresentados com base na predição média. Os efeitos quando F nos animais atinge 0,15 foram respectivamente de +0,11 mês, +0,46 mês, -70,4 kg, -140 kg, -231,4 kg e -85,5 kg, para IP, IPP, LAC1, LAC2, LAC3 e LAC123. Os valores de  $f_e:f_a$  possivelmente indicam efeito de gargalo nas populações. Apesar da raça Girolando apresentar baixos níveis de F, há uma grande proporção de endogâmicos, principalmente na RefPS. Nenhum dos modelos apresentou certeza para ser eleito como o mais adequado, segundo o critério de informação de Akaike para ajuste nas características. De acordo com a predição média o aumento do nível de endogamia pode causar depressão nas características de importância econômica. Programas de acasalamento dirigido devem ser realizados afim de reduzir o incremento da endogamia e garantir a variabilidade genética, por exemplo, para manutenção da expressiva adaptação em diferentes ambientes e sustentar progressivos avanços no melhoramento genético da raça.

**Palavras-Chaves:** bovinos de leite; depressão endogâmica; regressão;

## ABSTRACT

The aim of the study was to evaluate the population structure of the Girolando breed and the effect of inbreeding on economic important traits. The data were provided by the Brazilian Association of Breeders of Girolando. The population was divided into two reference populations, one consisting only of pure-synthetic animals (RefPS) and other with all Girolando compositions (RefPop) born between 2004 and 2014. The individual inbreeding rate ( $\Delta F$ ) was used to estimate inbreeding depression to decrease the effect of pedigree disparity. The inbreeding depression for the first calving interval (IP), age at first calving (PI), milk production at first (LAC1), second (LAC2) and third lactation (LAC3) and milk production at the first three lactations (LAC123) were determined from the adjustment of the regression models (linear, quadratic, exponential and Michaelis-Menten) on the error generated by the animal model. The relationship between effective number of founders and ancestors ( $f_e:f_a$ ) were 3.27 (RefPS) and 3.06 (RefPop). In RefPS the mean mean inbreeding coefficient (F) was 0.0116, with a maximum of 0.3777, with 92.99% of the population being inbred. In RefPop the mean F was lower (0.0029), with a maximum of 0.3777, with 21.25% of the animals being inbred. The large proportion of inbred animals, principally in the pure-synthetic, reflect the decrease of the diversity of the new breed. The results of this work will be presented based on the average prediction. The effects of inbreeding in 0.15 were +0.11 month, +0.46 month, -70.4 kg, -140 kg, -231.4 kg and -85.5 kg, respectively for IP, IPP, LAC1, LAC2, LAC3 and LAC123. The  $f_e:f_a$  value possibly indicates a bottleneck effect in the populations. Despite the Girolando breed presents low levels of F, there is a large proportion of inbreds, mainly in RefPS. None of the models presented certainty about their selection with akaike information criterion. According to the average prediction, the increase in the level of inbreeding may cause depression in the characteristics of economic importance. Directed mating programs should be carried out to reduce the increase of inbreeding and to guarantee the genetic variability of the new breed for adaptation in different environments and to support genetic improvement.

**Keywords:** dairy cattle; inbreeding depression; regression;

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- FIGURA 1** - Distribuição dos animais das populações de referência considerando todas composições do Girolando (RefPop) e apenas animais Puro-sintético (RefPS), dentro do nível um (com endogamia maior que 0 e menor ou igual a 0,05), de acordo com sua endogamia.....20
- FIGURA 2** - Número de animais total e dos endogâmicos por geração considerando o pedigree total (PopTotal).....21
- FIGURA 3** - Número de animais registrados e de endogâmicos por ano de nascimento considerando o pedigree total (PopTotal).....21
- FIGURA 4** - Parentesco médio dos animais entre os estados e regiões do Brasil. ....22
- FIGURA 5** - Boxplot da taxa de endogamia para a características primeiro Intervalo de parto (IP), idade de parto ao primeiro parto (IPP), produção de leite na primeira (LAC1), segunda (LAC2), terceira (LAC3) e três primeiras (LAC123) lactações conjuntamente.....23
- FIGURA 6** - Efeito do coeficiente de endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos de leite da raça Girolando.....27
- FIGURA 7** - Dispersão da classificação das vacas quanto seus valores genéticos e coeficiente de endogamia de acordo com características produtivas e reprodutivas dos animais da raça Girolando. ....28

## LISTA DE TABELAS

<b>TABELA 1</b> - Estatísticas descritivas das características primeiro intervalo de parto (IP), Idade ao primeiro parto (IPP) e produção de leite até 305 dias na primeira (LAC1), segunda (LAC2), terceira (LAC3) e três nas primeiras lactações (LAC123). .....	14
<b>TABELA 2</b> - Descrição dos parâmetros populacionais do pedigree completo (PopTotal), do pedigree da população de referência considerando todas composições do Girolando (RefPop) e da população de referência considerando animais Puro-sintético (RefPS).....	19
<b>TABELA 3</b> - Estatísticas descritivas da endogamia na população total (PopTotal).....	19
<b>TABELA 4</b> - Descrição da distribuição dos coeficientes de endogamia do pedigree total (PopTotal) e das populações de referência considerando todas composições do Girolando (RefPop) e apenas animais Puro-sintético (RefPS).....	20
<b>TABELA 5</b> - Intervalo de geração a partir do pedigree total (PopTotal), da população de referência com todas composições do Girolando (RefPop) e da população de referência do Puro-sintético (RefPS). .....	22
<b>TABELA 6</b> - Estatísticas descritivas da endogamia das fêmeas com fenótipo. ....	23
<b>TABELA 7</b> - Variância genética ( $\text{var}(a)$ ), variância residual ( $\text{var}(e)$ ), variância de ambiente permanente ( $\text{var}(pe)$ ), variância fenotípica ( $\text{var}(p)$ ) e herdabilidade ( $h^2$ ) de acordo com cada característica.....	24
<b>TABELA 8</b> - Estimativas dos parâmetros críticos dos modelos matemáticos utilizados para análise de características produtivas e reprodutivas de bovinos leiteiros da raça Girolando.....	24
<b>TABELA 9</b> - Resultados do Critério de informação de Akaike (AIC) dos diferentes modelos de regressão utilizados nos dados de características produtivas e reprodutivas de bovinos leiteiros da raça Girolando.....	25



## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	10
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	12
2.1. DADOS.....	12
2.2. ESTRUTURA POPULACIONAL.....	12
2.3. EFEITO DA ENDOGAMIA.....	14
2.4. SELEÇÃO DE MODELOS.....	17
3. RESULTADOS.....	18
4. DISCUSSÃO.....	29
4.1. ESTRUTURA POPULACIONAL.....	29
4.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA.....	33
4.3. EFEITO DA ENDOGAMIA.....	33
5. CONCLUSÃO.....	38
6. REFERÊNCIAS.....	40

## 1. INTRODUÇÃO

O cruzamento entre raças bovinas tem como objetivo o uso da heterose e complementariedade, por exemplo, aliando adaptação e rusticidade das raças zebuínas (*Bos indicus*) e a alta produção de leite das raças taurinas (*Bos taurus*).

A raça Girolando, oriunda do cruzamento entre as raças Holandês (H) e Gir (G), é uma raça sintética ainda em formação. Esse cruzamento iniciou entre as décadas de 1940 e 1950. Em 1996, foi oficializada a criação da raça Girolando e em 1997 foi realizado pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) o primeiro teste de progênie. No Brasil, a raça Girolando já é responsável pela maior parte da produção leiteira do país (PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA RAÇA GIROLANDO, 2017) e com potencial de expansão para outros países de clima tropical. A Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG) ainda aceita, para fins de registro, todas as composições raciais oriunda dos cruzamentos H x G. Entretanto, busca a fixação do puro-sintético na proporção 5/8H:3/8G, filho de pais da mesma composição racial (5/8H:3/8G).

Contudo, em processos de fixação de uma composição racial, alguns touros podem acabar sendo utilizados excessivas vezes (normalmente via uso da inseminação artificial). Somado a isto, o uso da matriz de relacionamento para prever valores genéticos resulta em um maior coeficiente de parentesco entre animais superiores do que ocorre sem considerar relacionamentos (THOMPSON, EVERETT e HAMMERSCHMIDT, 2000). Os animais superiores (do ponto de vista genético) selecionados dispersam rapidamente seu material genético na população através de tecnologias reprodutivas. Portanto, ao se selecionar um número reduzido de animais para serem progenitores da próxima geração o tamanho efetivo da população diminui, ou seja, diminui a variabilidade genética causando um afinamento no pedigree e até a perda de genes de alguns fundadores, alterando a estrutura populacional.

A diminuição da variabilidade genética diminui o potencial adaptativo dos animais, tanto às mudanças ambientais quanto de interesse do consumidor, assim como o potencial produtivo desses animais. De acordo com The Bovine HapMap Consortium (2009) o recente declínio da

diversidade de raças bovinas é suficientemente rápido para que a perda de diversidade seja motivo de preocupação para os criadores.

Adicionalmente a isto, o acasalamento de indivíduos aparentados gera ainda a endogamia. Definida como a probabilidade de dois alelos no mesmo locus serem idênticos se escolhidos ao acaso em consequência da descendência (acasalamento de indivíduo aparentados) (MALECÓT, 1948). É um processo sem retorno no qual o aumento da homozigose diminui a variabilidade genética e pode acarretar aumento da frequência de doenças genéticas e depressão endogâmica.

A depressão endogâmica é a redução da aptidão da prole que resulta do acasalamento entre indivíduos que compartilham pelo menos um antepassado comum. A endogamia afeta características relacionadas à aptidão física, tais como sobrevivência, resistência a doenças, predação e peso ao nascer em populações de aves e mamíferos (KELLER e WALLER, 2002).

Nas características de importância econômica, como produção de leite, a cada 1% de endogamia na raça Holandesa observou-se redução de 18,1 litros (CROQUET et al., 2006). Reis et al. (2015) também encontraram efeito negativo da endogamia sobre produção de leite na raça Gir. Nas características idade no primeiro parto e intervalo de partos foram constatados aumentos respectivamente de 1,72 meses (PEREIRA et al., 2016) e 0,6 mês (PEREIRA et al., 2016) na raça Gir e 0,2 mês (MC PARLAND et al., 2007) e 0,7 mês (MC PARLAND et al., 2007) na raça Holandesa.

Estudos sobre a caracterização da estrutura populacional da raça Girolando ainda são escassos. No entanto, são instrumentos importantes para o direcionamento da fixação do puro-sintético, assegurando a variabilidade da composição racial a ser fixada. Para Hoffmann (2010), as raças adaptadas as regiões de clima tropical são em grande parte não caracterizadas e estão localizadas em países em desenvolvimento. Além disso, ainda não existem estudos sobre o efeito da endogamia nas características produtivas e reprodutivas na raça Girolando.

O objetivo do estudo foi a avaliação da estrutura populacional da raça Girolando e do impacto da endogamia em características de importância econômica para os pecuaristas.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. DADOS**

Os arquivos de dados e de pedigree foram cedidos pela Associação Brasileira dos Criadores de Girolando (ABCG). Os registros genealógicos continham 1.683.408 indivíduos. Após a retirada de possíveis erros de pedigree, restaram 1.609.983 indivíduos (PopTotal) das raças Girolando, Holandês e Gir, dos quais 1.504.407 possuíam data de nascimento, entre os anos de 1973 e 2015.

Para o estudo da estrutura populacional a população (PopTotal) foi subdividida em duas populações de referência com nascimento entre os anos de 2004 e 2015, para melhor representar a população atual dos rebanhos. A primeira população de referência foi formada por 311.803 animais de todas composições raciais (RefPop), nascidos entre os anos de 2004 e 2015. A segunda população de referência foi formada a partir do puro-sintético (PS) composta por 14.499 animais (RefPS) nascidos entre 2004 e 2015. Os indivíduos sem nenhum dos pais conhecidos foram descartados em ambas populações. O pedigree das populações de referência RefPop e RefPS tiveram no total 487.730 e 38.869, respectivamente.

Na avaliação do efeito da endogamia sobre as características produtivas e reprodutivas foram utilizados um total de 160.026 registros de produção de leite em até 305 dias de 88.123 vacas manejadas em propriedade localizadas em 24 Estados brasileiros. Sendo 56.626, 31.660 e 22.104 registros de produção da primeira, segunda e terceira lactação, respectivamente, 56.503 registros de data do primeiro parto e 21.343 registros de de primeiro intervalo de parto. Todos os registros foram coletados durante os anos de 1988 a 2015.

### **2.2. ESTRUTURA POPULACIONAL**

Os parâmetros populacionais foram estimados utilizando o software Relax2 (STRANDÉN e VUORI, 2006). O número de fundadores refere-se a todos ancestrais sem nenhum dos pais conhecidos, quando apenas um dos pais é conhecido o outro é considerado um fundador. O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), proposto por Boichard, Maignel e Verrier, (1997), refere-se

ao número de fundadores que produziriam a mesma diversidade genética que a população sob estudo, sendo obtido por  $f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$ , onde  $q_k$  é a contribuição gênica esperada do indivíduo  $k$  para a população.

O número de ancestrais efetivos ( $f_a$ ), também proposto por Boichard, Maignel e Verrier (1997), é o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a variabilidade genética da população. Esse parâmetro foi obtido por  $f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}$ , onde  $p_k$  é a contribuição genética marginal do indivíduo  $k$  para a população.

O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) é o número de indivíduos equivalentes a uma população ideal que resultaria na variabilidade observada na população em estudo. O  $N_e$  pode ser obtido através de duas formas, a primeira foi proposta por Gutiérrez et al. (2008) e associa o coeficiente de endogamia a geração em que o animal se encontra ao invés da geração de seus parentes ( $\overline{N_e} = \frac{1}{2\Delta F}$ ). Entretanto, a endogamia deve ser interpretada como resultado da coascendência da geração anterior, principalmente em pedigrees esparsos quando o atraso se torna mais importante. Por isso, Gutiérrez, Cervantes e Govache (2009) propuseram uma segunda fórmula, utilizando a média da taxa de endogamia individual ( $\overline{\Delta F_i}$ ) proposta por González-Recio, López de Maturana e Gutiérrez (2007).

O número de gerações completas equivalentes (ECG) indica a completude do pedigree de um animal e é calculado como a soma dos termos  $(1/2g)$  de todos seus ancestrais conhecidos, onde  $g$  é o número de geração de ancestrais conhecidas, o que é igual a um para os pais, dois para os avós e assim por diante (Maignel, Boichard e Verrier, 1996).

O coeficiente de endogamia ( $F$ ) foi estimado através do método proposto por Meuwissen e Luo (1992) baseado na decomposição de Cholesky. Este método é o mais rápido e é um tradicional método não iterativo para cálculo da endogamia em grandes populações. Nesse método os animais com pais desconhecidos são considerados sem endogamia (não endogâmico).

O coeficiente de parentesco ( $R$ ) foi definido como o numerador da matriz de parentesco e representa a conexão genealógica entre os indivíduos. O pacote R ggplot2 (Wickham, 2009) foi utilizado para gerar a figura que representa o parentesco médio entre os Estados e regiões brasileiras.

O intervalo de geração é definido como a média de idade dos pais quando os filhos são selecionados (FALCONER E MACKAY, 1996). O intervalo de geração pode ser aferido através de pai para filho, pai para filha, mãe para filho e mãe para filha.

### 2.3. EFEITO DA ENDOGAMIA

Foram avaliadas as características de idade no primeiro parto (IPP), primeiro intervalo de parto (IP), produção de leite em até 305 dias na primeira (LAC1), segunda (LAC2) e terceira lactação (LAC3) e produção de leite nas três primeiras lactações (LAC123), utilizando modelo de repetibilidade.

Na Tabela 1 estão descritas algumas estatísticas descritivas para cada característica. Ressalta-se que para maior consistência nos dados foram impostas algumas restrições antes de se realizar as análises. Foram excluídas as produções de leite menores de 1000 kg e posteriormente as produções menores e maiores de três desvios padrões em relação à média. Registros de IPP menores e maiores que dois desvios padrões da média foram eliminados. Apenas registros de vacas com IP entre 10 e 20 meses foram mantidos. Adicionalmente, foram eliminados os grupos contemporâneos com menos de quatro animais, assim como registros de animais de composições raciais que continha menos de 40 indivíduos.

**Tabela 1.** Estatísticas descritivas das características primeiro intervalo de parto (IP), Idade ao primeiro parto (IPP) e produção de leite até 305 dias na primeira (LAC1), segunda (LAC2), terceira (LAC3) e três nas primeiras lactações (LAC123).

Característica	Nº animais	Nº observações	Média	Desvio Padrão	Grupo Contemporâneos	Nº de Composições Raciais
IP (meses)	15.735	15.735	13,77	2,429	1.371	11
IPP (meses)	50.200	50.200	36,21	8,613	2.981	12
LAC1 (kg)	44.431	44.431	4.088,80	2.034	2.582	12
LAC2 (kg)	24.463	24.463	4.513,00	2.179	1.905	11
LAC3 (kg)	16.452	16.452	4.600,00	2.217	1.593	11
LAC123 (kg)	6.919	20.757	4.663,00	1.991	2.080	11

A estatística descritiva, médias e desvios, dos dados produtivos e reprodutivos utilizados para avaliação neste estudo foram similares as reportadas pelo Programa de Melhoramento Genético da Raça Girolando (2017).

O modelo animal utilizado para análise de cada uma das características foi baseado nos modelos estatísticos propostos por Canaza-Cayo et al. (2016). O software AIREMLF90 (MISZTAL et al., 2002) foi utilizado para estimar os componentes de variância, herdabilidade, erros e valores genéticos através de análises univariadas.

Na estimação dos componentes de variância para IPP utilizou-se o seguinte modelo:

$$Y_{ijkl} = CR_j + EN_k + GC_l + a_{ijkl} + e_{ijkl};$$

Onde  $Y_{ijkl}$  é a observação em meses no animal  $i$ , da composição racial  $j$ , na estação de nascimento  $k$  e no grupo contemporâneo  $l$ ;  $CR_j$  é o efeito fixo da composição racial  $j$ ;  $EN_k$  é o efeito fixo da estação de nascimento  $k$  ( $k=1$  (outubro a março) e  $k=2$  (abril a setembro));  $GC_l$  é o efeito fixo de grupo contemporâneo  $l$ , composto por rebanho e ano de nascimento;  $a_{ijkl}$  é o efeito aleatório genético aditivo do animal  $i$ , no grupo contemporâneo  $l$ , na estação  $j$  e composição racial  $k$ ;  $e_{ijkl}$  é o erro aleatório associado a cada observação, assumindo normalidade e independência;

O modelo utilizado na estimação dos componentes de variância para LAC1, LAC2, LAC3 e IP foi:

$$Y_{ijkl} = CR_j + EP_k + GC_l + (\beta_1 (I_{ijkl} - \bar{I}) + \beta_2 (I_{ijkl} - \bar{I})^2) + a_{ijkl} + e_{ijkl};$$

Onde  $Y_{ijkl}$  é a observação no animal  $i$ , da composição racial  $j$ , na estação de parto  $k$  no grupo contemporâneo  $l$ ;  $CR_j$  é o efeito fixo da composição racial  $j$ ;  $EP_k$  é o efeito fixo da estação de parto  $k$  ( $k=1$  (outubro a março) e  $k=2$  (abril a setembro));  $GC_l$  é o efeito fixo de grupo contemporâneo  $l$ , composto por rebanho e ano de parição;  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são os coeficientes de regressão de  $Y_{ijkl}$  com a idade ao parto, incluído no modelo como covariável;  $I_{ijkl}$  é a idade ao parto em meses;  $\bar{I}$  é a média de idade ao parto em meses;  $a_{ijkl}$  é o efeito aleatório genético aditivo do

animal  $l$ , no grupo contemporâneo  $i$ , na estação  $j$  e composição racial  $k$ ;  $e_{ijkl}$  é o erro aleatório associado a cada observação, assumindo normalidade e independência;

Por fim, na estimação dos componentes de variância para LAC123 foi utilizado o seguinte modelo:

$$Y_{ijklm} = CR_k + EP_l + GC_m + (\beta_1 (I_{ijkl} - \bar{I}) + \beta_2 (I_{ijkl} - \bar{I})^2) + pe_{ij} + a_{ijklm} + e_{ijkl};$$

Onde  $Y_{ijkl}$  é a observação  $i$  no animal  $j$ , da composição racial  $k$ , na estação de parto  $l$  no grupo contemporâneo  $m$ ;  $CR_k$  é o efeito fixo da composição racial  $k$ ;  $EP_l$  é o efeito fixo da estação de parto  $l$  ( $l=1$  (outubro a março) e  $l=2$  (abril a setembro));  $GC_i$  é o efeito fixo de grupo contemporâneo  $m$ , composto por rebanho e ano de parição;  $\beta_1$  e  $\beta_2$  são os coeficientes de regressão de  $Y_{ijkl}$  com a idade ao parto, incluído no modelo como covariável;  $I_{ijkl}$  é a idade ao parto em meses;  $\bar{I}$  é a média de idade ao parto em meses;  $pe$  é o efeito de ambiente permanente da produção  $i$  do animal  $j$ ;  $a_{ijkl}$  é o efeito aleatório genético aditivo do animal  $l$ , no grupo contemporâneo  $i$ , na estação  $j$  e composição racial  $k$ ;  $e_{ijkl}$  é o erro aleatório associado a cada observação, assumindo normalidade e independência;

Para estimar o efeito da endogamia utilizou-se a taxa de endogamia individual ( $\Delta F_i$ ) ao invés do  $F$ , uma vez que a  $\Delta F_i$  leva em consideração a disparidade do conhecimento do pedigree entre animais e conseqüentemente permite maior acurácia na estimação da depressão endogâmica (GONZALEZ-RECIO et al., 2007). A  $\Delta F_i$  foi estimada através da equação (GONZÁLEZ-RECIO, LÓPEZ DE MATURANA e GUTIÉRREZ, 2007):

$$\Delta F_i = 1 - \frac{ECG_i - 1}{\sqrt{1 - F_i}}$$

Como sugerido por Gutierrez et al. (2009), somente animais em que o número de gerações equivalentes (ECG) é igual ou maior a dois foi utilizado no cálculo para obtenção da estimativa do da endogamia dos animais das diferentes subpopulações.

O efeito da endogamia nas características produtivas e reprodutivas foram baseados no erro ( $e_{ijkl}$ ) gerado pelo modelo animal e obtido pelo uso do software AIREMLF90 (MISZTAL et al.,



2002), por meio dos modelos de regressão sugeridos por Malhado et al. (2013). Os modelos foram: linear ( $e_{ijkl} = \beta_0 + \beta_1(\Delta F_i - \Delta \bar{F}) + \varepsilon_{ijkl}$ ), quadrático ( $e_{ijkl} = \beta_0 + \beta_1(\Delta F_i - \Delta \bar{F}) + \beta_2(\Delta F_i - \Delta \bar{F})^2 + \varepsilon_{ijkl}$ ), exponencial ( $e_{ijkl} = \alpha\beta^{\Delta F_i} + \varepsilon_{ijkl}$ ) e Michaelis-Menten ( $e_{ijkl} = \frac{\beta_1(1-\Delta F_i)}{\beta_2(1-\Delta F_i)}\Delta + \varepsilon_{ijkl}$ ).

Para facilitar a interpretação e comparação dos resultados com a literatura ou de outros estudos, os resultados obtidos foram convertidos novamente em F (ou seja, convertido de  $\Delta F_i$  para F). Essa conversão foi realizada através da equação de cálculo de  $\Delta F_i$  (previamente descrita) utilizando o ECG médio de animais com ECG maior que dois.

## 2.4. SELEÇÃO DE MODELOS

No estudo de efeitos biológicos queremos que determinado evento estimado por modelos ajustados em uma amostra seja extrapolado para a população. Esse problema gera o dilema se os modelos estão se ajustando bem aos dados amostrais e ao mesmo tempo obtendo novas predições (BLASCO, 2017).

Por isso, para avaliar a qualidade do ajuste desses modelos foi utilizado o Critério de Informação de Akaike (AIC) (Burnham e Anderson, 2002). Este leva em consideração a complexidade e a capacidade do modelo em descrever não apenas a amostra, mas sua capacidade preditora. O AIC avalia e penaliza a complexidade do modelo versus capacidade de ajuste. Também foram calculados a diferença entre o menor AIC e o AIC correspondente do modelo  $i$  ( $\Delta_i = AIC_i - AIC_{\min}$ ), peso de Akaike ( $w_i = Prob\ g_i | dados$ ), que corresponde a probabilidade do modelo  $g_i$  ser o melhor modelo de ajuste nos dados, e a relação de evidência da probabilidade do modelo  $i$  e  $j$  no ajuste ( $w_{AIC_{\min.}} / w_i$ ). A predição média foi obtida por:

$$\bar{Y} = \sum_{i=1}^R w_i Y_i$$

Onde  $i$  são os modelos,  $w_i$  os pesos ( $w_i$ ) e  $Y_i$  o valor predito de cada modelo dado ajuste particular das variáveis preditoras (ANDERSON, 2008).

### 3. RESULTADOS

Os parâmetros populacionais estimados estão especificados na Tabela 2. Pode-se observar que conforme se restringe a população, observou-se maior a relação  $f_e:f_a$  e menor  $N_e$  (Gutiérrez et al., 2008). O contrário pode ser verificado entre a PopTotal e a RefPop, onde o  $N_e$  (Gutiérrez, Cervantes e Govache, 2009) aumentou aproximadamente em 35 animais.

O número de progênie por touros decaiu fortemente na RefPS. O parentesco médio entre os animais da população RefPS é o maior entre as três populações. Quando observado o parentesco somente entre os animais PS, verifica-se que o parentesco médio foi de 0,023.

Os animais endogâmicos representaram 6,98% da PopTotal, com F médio de 0,0187 (Tabela 3). As fêmeas representam a maior parte desses animais endogâmicos. Entretanto, proporcionalmente ao número total de indivíduos por sexo o número de endogâmicos é maior nos machos (32,21%) do que nas fêmeas (6,6%).

Quando eliminados animais com ECG menor que dois, a média de ECG foi de 4,21. A  $\Delta F_i$  na PopTotal teve média de 0,00035 e máxima de 0,43800. Quando o ECG foi maior que dois a  $\Delta F_i$  teve média de 0,00123 e máxima de 0,25100.

**Tabela 2.** Descrição dos parâmetros populacionais do pedigree completo (PopTotal), do pedigree da população de referência considerando todas composições do Girolando (RefPop) e da população de referência considerando animais Puro-sintético (RefPS).

	PopTotal	RefPop	RefPS
Nº animais no pedigree	1.609.983	487.730	38.869
Nº Touros	15.204	12.543	3.651
Progênie	476.137	36.8781	30.852
Progênie por Touro	31,37	29,40	8,45
Nº Vacas	247.540	196.495	21.387
Progênie	464.530	367.959	30.857
Progênie por Vaca	1,88	1,87	1,44
R médio	0,001	0,008	0,010
Fundadores	1.132.133	118.211	7.898
$N_e$ (Gutiérrez et al., 2008)	1.827,37	766,34	354,24
$N_e$ (Gutiérrez et al., 2009)	407,43	442,38	214,23
$f_e$	446,60	373,30	250,45
$f_a$	145,70	121,79	76,57
$f_e:f_a$	3,06	3,06	3,27
ECG médio	1,20	3,26	3,35

**Tabela 3.** Estatísticas descritivas da população total (PopTotal) em relação a endogamia.

	PopTotal		
	Fêmeas	Machos	Total
Número de endogâmicos	94.178	18.220	112.398
Endogâmicos (%)	83,79%	16,21%	100%
F médio da população	0,00113	0,00621	0,00131
F médio de endogâmicos	0,01870	0,01928	0,01879
Amplitude de F	$1 \times 10^{-6} - 0,41$	$1 \times 10^{-6} - 0,37$	$1 \times 10^{-6} - 0,41$

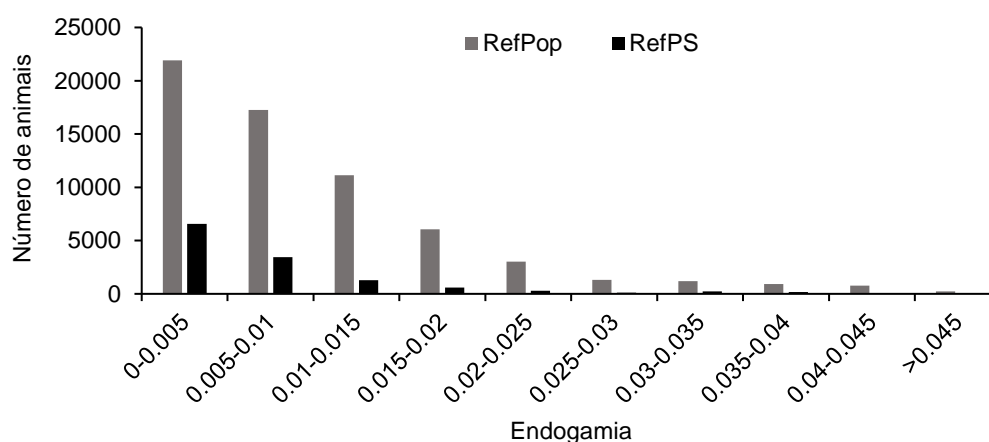
A maior parte dos indivíduos das populações estão concentrados no nível 1 de taxa de endogamia (Tabela 4). No entanto, ressalta-se a grande amplitude na taxa de endogamia. Na RefPS o F médio foi de 0,0116, com máxima de 0,3773. Na RefPop o F médio foi menor (0,0029), com máxima de 0,3773. Do total de animais contidos nas populações RefPop (311.803) e RefPs

(14.499), respectivamente, 21,25% e 92,99% destes foram considerados como endogâmicos. Entretanto, muitos animais compreendidos no nível 1 (Tabela 4) estão concentrados nos valores de F próximos a 0 (Figura 1).

**Tabela 4.** Descrição da distribuição dos coeficientes de endogamia do pedigree total (PopTotal) e das populações de referência considerando todas composições do Girolando (RefPop) e apenas animais Puro-sintético (RefPS).

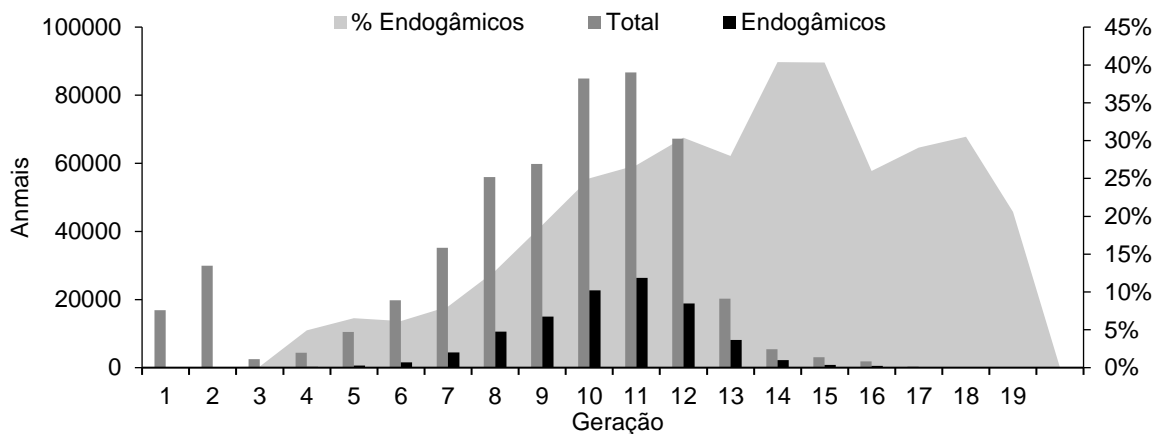
Nível	Coeficiente de endogamia	PopTotal		RefPop		RefPS	
		n	% do total	N	% do total	n	% do total
1	$0 < F \leq 0,05$	103387	91,983%	63862	96,391%	12806	94,972%
2	$0,05 < F \leq 0,1$	5557	4,944%	1474	2,225%	363	2,692%
3	$0,1 < F \leq 0,15$	2224	1,979%	613	0,925%	217	1,609%
4	$0,15 < F \leq 0,2$	360	0,320%	44	0,066%	21	0,156%
5	$0,2 < F \leq 0,25$	444	0,395%	82	0,124%	26	0,193%
6	$0,25 < F \leq 0,3$	382	0,340%	172	0,260%	47	0,349%
7	$0,3 < F \leq 0,35$	31	0,028%	4	0,006%	2	0,015%
8	$0,35 < F \leq 0,4$	11	0,010%	2	0,003%	2	0,015%
9	$0,4 < F \leq 0,45$	2	0,002%				
	Total	112.398	100%	66.253	100%	13.484	100%

**Figura 1.** Distribuição dos animais das populações de referência considerando todas composições do Girolando (RefPop) e apenas animais Puro-sintético (RefPS), dentro do nível um (com endogamia maior que 0 e menor ou igual a 0,05), de acordo com sua endogamia.



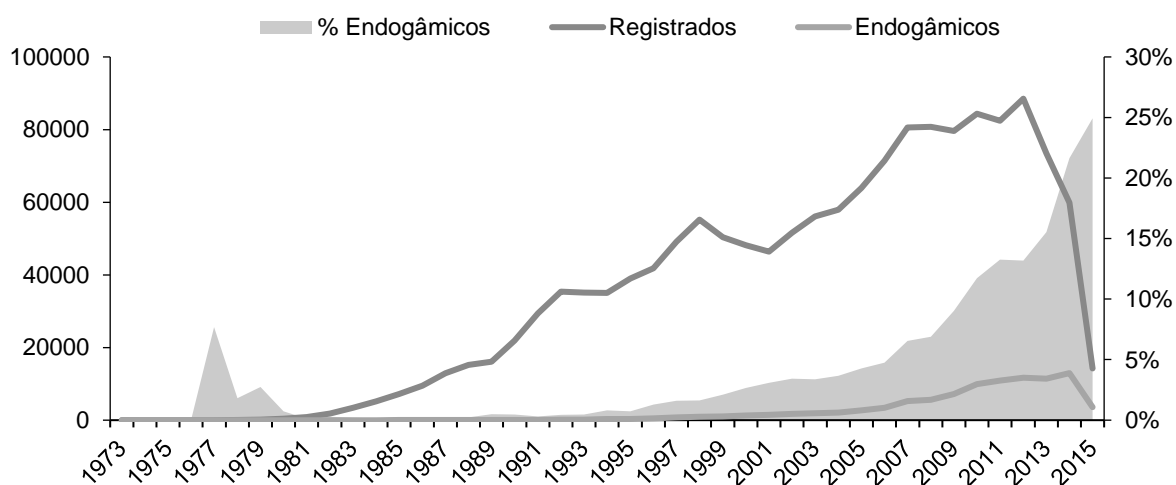
Observou-se ainda que o aumento no número de indivíduos endogâmicos foi crescente até a 11ª geração (Figura 2). No entanto, o número total de animais por geração decaiu, aumentando consequentemente a proporção de animais endogâmicos.

**Figura 2.** Número de animais total e dos endogâmicos por geração considerando o pedigree total (PopTotal).



O número de registros genealógicos cresceu ao longo dos anos (Figura 3) com o número de endogâmicos também acompanhando esse aumento. No ano de 2013 os animais endogâmicos representavam 15% do total de animais, já no ano de 2004 esse percentual era de 4%. Os registros ocorridos no ano de 2015 não estavam completos no banco de dados cedido, por isso a queda acentuada neste último ano.

**Figura 3.** Número de animais registrados e de endogâmicos por ano de nascimento considerando o pedigree total (PopTotal).



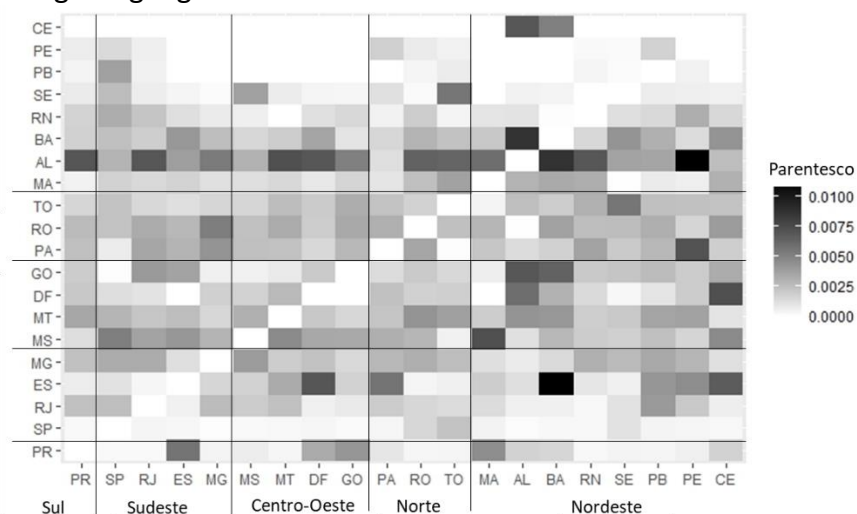
O intervalo de geração médio foi maior na PopTotal e menor na RefPS (Tabela 5). Em ambas populações o intervalo de geração em relação ao pai foi maior. O intervalo de geração médio de pai para filho(a) e de mãe para filho(a) foi respectivamente, de 7,9 anos e de 6,1 anos.

**Tabela 5.** Intervalo de geração a partir do pedigree total (PopTotal), da população de referência com todas composições do Girolando (RefPop) e da população de referência do Puro-sintético (RefPS).

	Intervalo de Gerções			
	Pai → Filha	Pai → Filho	Mãe → Filha	Mãe → Filho
PopTotal	9,02	9,20	6,26	6,66
RefPop	9,14	9,32	6,26	6,68
RefPS	6,73	7,54	6,18	6,84

Os animais nascidos nos Estados do Nordeste têm parentesco interno (0,00275) similar ao com as demais regiões (0,00277) (Figura 4). Alagoas foi o Estado com maior parentesco entre os demais Estados dessa região geográfica (0,0049). A média de parentesco dentro dos Estados foi de 0,029 e entre Estados de 0,002. Entre as regiões, o parentesco médio foi de 0,003, e dentro das regiões, de 0,0052. A região Norte apresenta o maior parentesco interno (0,0108) entre as demais no país.

**Figura 4.** Parentesco médio dos animais entre os Estados e regiões geográficas do Brasil.



PR: Paraná; SP: São Paulo; RJ: Rio de Janeiro; ES: Espírito Santo; MG: Minas Gerais; MS: Mato Grosso do Sul; DF: Distrito Federal; GO: Goiás; PA: Pará; RO: Rondônia; TO: Tocantins; MA: Maranhão; AL: Alagoas; BA: Bahia; RN: Rio grande do Norte; SE: Sergipe; PB: Paraíba; PE: Pernambuco; CE: Ceará;

As fêmeas com fenótipo mensurados apresentaram baixo F médio e grande amplitude (Tabela 6). Apenas quando se analisou a análise da característica LAC123 havia maior porcentagem de fêmeas eram endogâmicas.

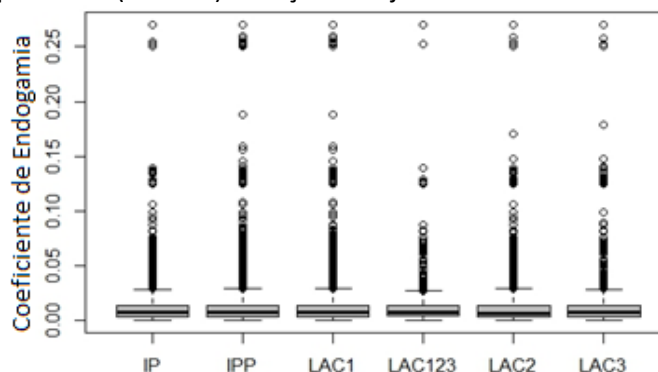
**Tabela 6.** Estatísticas descritivas da endogamia das fêmeas com fenótipo.

Característica	% Endogâmicos	F mínimo	F médio	F máximo
IP	15%	0,000015	0,012930	0,270508
IPP	15%	0,000015	0.012703	0.270508
LAC1	15%	0,000015	0.012741	0.270508
LAC2	13%	0,000001	0.013427	0.270508
LAC3	10%	0,000001	0.013427	0.270508
LAC123	42%	0,000015	0.013233	0.270508

IP: primeiro Intervalo de parto; IPP: idade de parto ao primeiro parto; LAC1: produção de leite na primeira lactação; LAC2: produção de leite na segunda lactação; LAC3: produção de leite na terceira; LAC123: produção de leite na e três primeiras lactações.

A distribuição do nível de endogamia dos animais por característica encontra-se na Figura 5. A maior parte dos animais com endogamia está concentrada no nível 1 (o mais baixo). Pode-se observar que há um número reduzido de animais com F maior que 0,05 e uma redução maior nos animais com F acima de 0,15.

**Figura 5.** Boxplot da taxa de endogamia para a características primeiro Intervalo de parto (IP), idade de parto ao primeiro parto (IPP), produção de leite na primeira (LAC1), segunda (LAC2), terceira (LAC3) e três primeiras (LAC123) lactações conjuntamente.



A característica de IP apresentou baixa herdabilidade (Tabela 7). As características produtivas apresentaram herdabilidades próximas. A IPP sobressaiu-se como sendo a característica de maior estimativa de herdabilidade, indicando grande contribuição da variância genética aditiva.

**Tabela 7.** Variância genética (var(a)), variância residual (var(e)), variância de ambiente permanente (var(pe)), variância fenotípica (var(p)) e herdabilidade ( $h^2$ ) com seus respectivos erros padrões (SE) de acordo com cada característica.

Característica	var(a) $\pm$ SE	var(e) $\pm$ SE	var(pe) $\pm$ SE	$h^2 \pm$ SE
IP	0,19 $\pm$ 0,07	4,86 $\pm$ 0,09	-	0,04 $\pm$ 0,04
IPP	9,98 $\pm$ 0,61	26,55 $\pm$ 0,53	-	0,27 $\pm$ 0,02
LAC1	318,60 $\pm$ 30,49	2,087,30 $\pm$ 30,07	-	0,13 $\pm$ 0,18
LAC2	356,87 $\pm$ 49,08	2,457,20 $\pm$ 49,94	-	0,13 $\pm$ 0,15
LAC3	323,76 $\pm$ 66,40	2,594,70 $\pm$ 68,93	-	0,11 $\pm$ 0,14
LAC123	329,68 $\pm$ 54,14	1,519,60 $\pm$ 19,54	436,44 $\pm$ 51,54	0,14 $\pm$ 0,17

IP: primeiro Intervalo de parto; IPP: idade de parto ao primeiro parto; LAC1: produção de leite na primeira lactação; LAC2: produção de leite na segunda lactação; LAC3: produção de leite na terceira; LAC123: produção de leite na e três primeiras lactações.

Os parâmetros críticos de cada modelo para o ajuste ao erro gerado pelo modelo animal de cada característica estão apresentados na Tabela 8. Apenas os parâmetros críticos dos modelos de Michaelis-Menten foram significativos em todas características. Os modelos linear e exponencial foram significativos apenas para a característica de IPP, e o modelo exponencial, para a característica LAC1.

**Tabela 8.** Estimativas dos parâmetros críticos dos modelos matemáticos utilizados para análise de características produtivas e reprodutivas de bovinos leiteiros da raça Girolando.

Característica	Modelo			
	Linear	Quadrático	Exponencial	Michaelis-Menten
IP	$\beta = 5,81$	$\beta = -118,2$	$\beta = -1203$	$\beta_2 = -0,92^{***}$
IPP	$\beta = 34,59^{***}$	$\beta = 16,92$	$\beta = 32,79^{**}$	$\beta_2 = -0,88^{***}$
LAC1	$\beta = -2432,79$	$\beta = -60744,77$	$\beta = 31,70^*$	$\beta_2 = -0,89^{***}$
LAC2	$\beta = -3726,09$	$\beta = 87468,96$	$\beta = -22,15$	$\beta_2 = -0,83^{***}$
LAC3	$\beta = -5387,61$	$\beta = 393859,74$	$\beta = 17,87$	$\beta_2 = -0,89^{***}$
LAC123	$\beta = -2706,23$	$\beta = 93155,35$	$\beta = 16,70$	$\beta_2 = -0,90^{***}$

IP: primeiro Intervalo de parto; IPP: idade de parto ao primeiro parto; LAC1: produção de leite na primeira lactação; LAC2: produção de leite na segunda lactação; LAC3: produção de leite na terceira; LAC123: produção de leite na e três primeiras lactações.

\*P < 0.05; \*\* = P < 0.01; \*\*\* P < 0.001.



Houve diferença substancial (maior que duas unidades) no valor do critério AIC entre os modelos apenas para as características IPP e LAC3 (Tabela 9). Entretanto, o  $w_i$  calculado foi de apenas 0,77 e 0,58, respectivamente, para IPP e LAC3. Todos modelos possuem relação maior que 1:8 dentro do intervalo de confiança, sendo plausíveis (Anderson, 2008).

**Tabela 9.** Resultados do Critério de informação de Akaike (AIC) dos diferentes modelos de regressão utilizados nos ajustes aos erros gerados nas análises das características produtivas e reprodutivas de bovinos leiteiros da raça Girolando.

Característica		Modelo			
		Linear	Quadrático	Exponencial	Michaelis-Menten
IP	AIC	10354,02	10355,74	10354,61	10353,46
	$\Delta_i$	0,56	2,28	0,12	0,00
	$w_i$	0,29	0,12	0,21	0,38
	$wAIC_{mín.}/w_i$	3,49	8,25	4,69	2,64
IPP	AIC	45115,14	45117,14	45115,61	45111,16
	$\Delta_i$	3,98	5,98	4,46	0,00
	$w_i$	0,11	0,04	0,08	0,77
	$wAIC_{mín.}/w_i$	9,49	25,75	12,01	1,29
LAC1	AIC	115535,20	115536,60	115534,90	115534,90
	$\Delta_i$	0,29	1,70	0,00	0,01
	$w_i$	0,26	0,13	0,30	0,30
	$wAIC_{mín.}/w_i$	3,79	7,72	3,29	3,31
LAC2	AIC	56367,51	56368,08	56368,50	56368,63
	$\Delta_i$	0,00	0,57	0,99	1,12
	$w_i$	0,34	0,26	0,21	0,19
	$wAIC_{mín.}/w_i$	2,93	3,90	4,80	5,13
LAC3	AIC	29539,52	29537,33	29540,46	29540,64
	$\Delta_i$	2,19	0,00	3,13	3,31
	$w_i$	0,19	0,58	0,122	0,11
	$wAIC_{mín.}/w_i$	5,19	1,73	8,29	9,07
LAC123	AIC	50042,06	50043,49	50042,61	50042,78
	$\Delta_i$	0,00	1,43	0,55	0,70
	$w_i$	0,34	0,17	0,26	0,24
	$wAIC_{mín.}/w_i$	2,95	6,03	3,87	4,22

IP: primeiro Intervalo de parto; IPP: idade de parto ao primeiro parto; LAC1: produção de leite na primeira lactação; LAC2: produção de leite na segunda lactação; LAC3: produção de leite na terceira; LAC123: produção de leite na e três primeiras lactações;  $\Delta_i$ : diferença do AIC mínimo para o modelo i;  $w_i$ : pesos de Akaike;  $wAIC_{mín.}/w_i$ : relação entre o peso de Akaike mínimo e o peso de Akaike i.

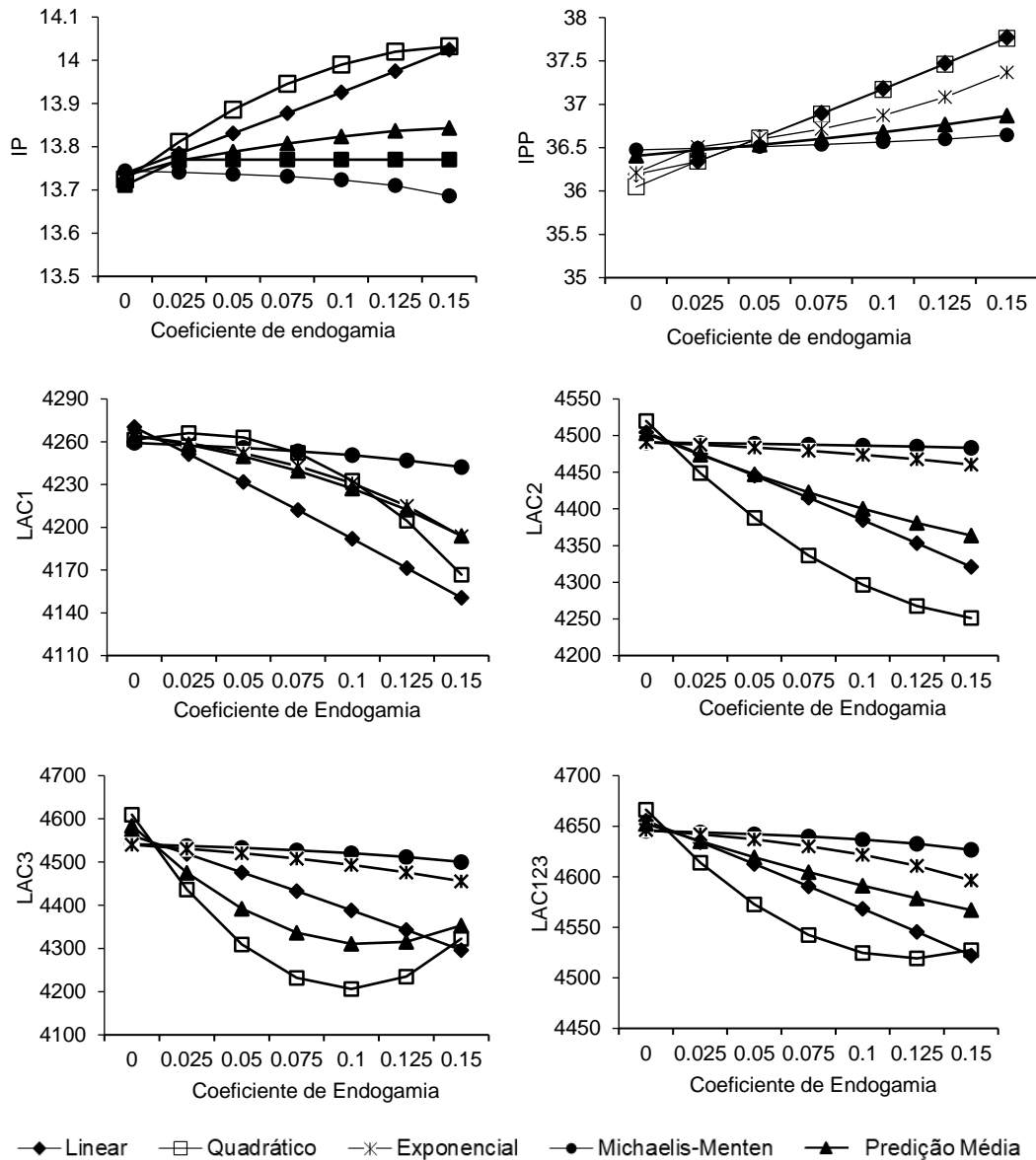
Na Figura 6 são apresentadas as curvas do efeito da endogamia sobre as características de acordo com cada modelo utilizado na regressão. Os indivíduos com F de 0,15 produziram em média menos 2,79% (Linear), 2,21% (Quadrático), 1,65% (Exponencial), 0,39% (Michaelis-Menten) e 1,64%(Predição Média) de leite em relação à média observada para LAC1; e 4,06 % (Linear), 5,96% (Quadrático), 0,67% (Exponencial), 0,16% (Michaelis-Menten) e 3,08% (Predição Média) menos leite em relação à média da LAC2. Na LAC3 houve decréscimo médio de 5,76% (Linear), 6,24% (Quadrático), 1,84% (Exponencial), 0,90% (Michaelis-Menten) e 5,03% (Predição Média) na produção de leite por lactação. Já na LAC123 o decréscimo médio foi de 2,86% (Linear), 2,98% (Quadrático), 1,07% (Exponencial), 0,40% (Michaelis-Menten) e 1,83% (Predição Média) na produção de leite de animais com F de 0,15 (Figura 6).

Na característica IPP (Figura 6) os animais com F de 0,15 tiveram em média um aumento de 11,45% (Linear), 12,45% (Quadrático), 8,39% (Exponencial), 1,24% (Michaelis-Menten) e 3,34% (Predição Média) na idade média para ocorrência do primeiro parto (meses).

Para animais com também F de 0,15 houve em média aumento de 2,08% (Linear), 0,30% (Quadrático), 0,43% (Exponencial), 0,80% (Predição Média) na média de IP (Figura 6). O modelo de Michaelis-Menten apresentou uma pequena diminuição do IP com o aumento de endogamia (0,42%).

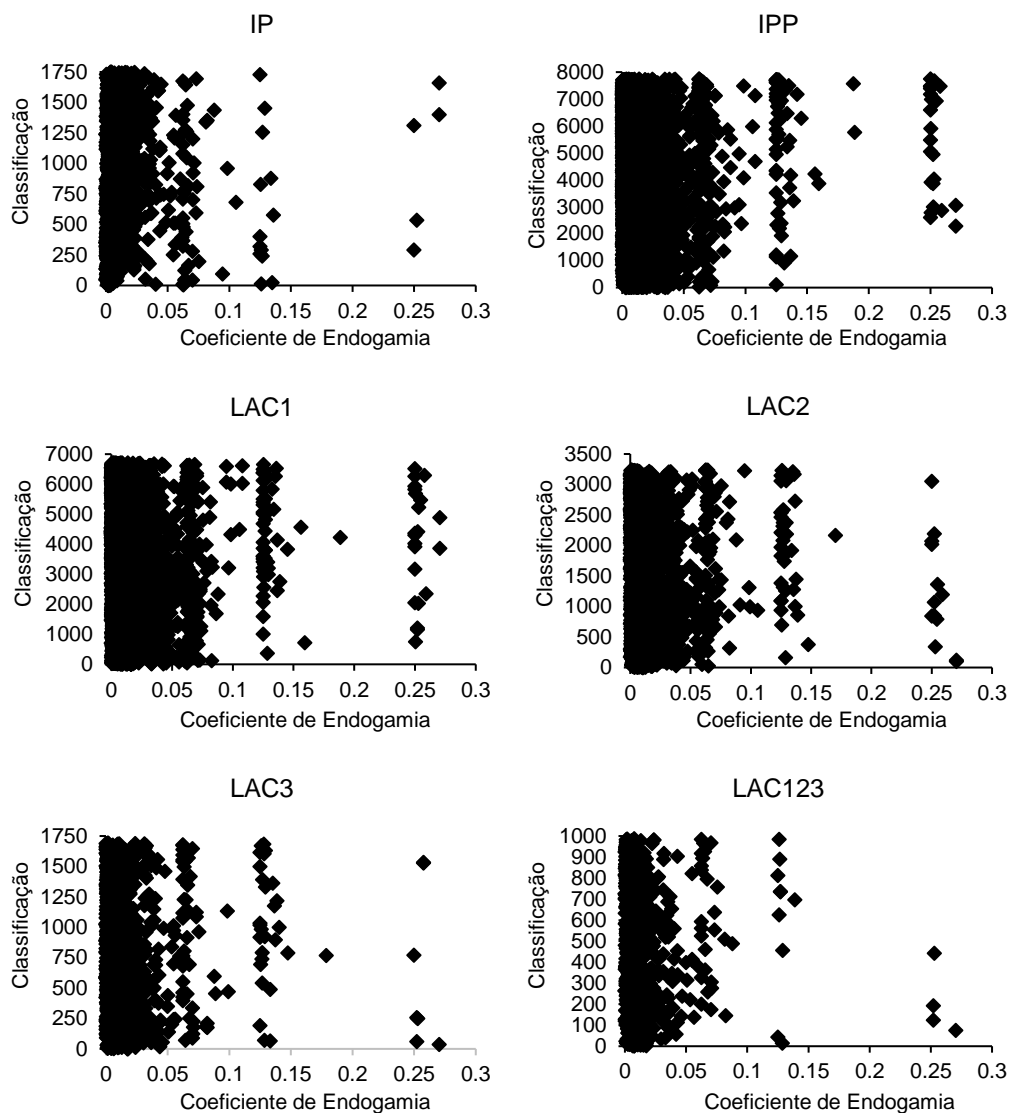
As classificações das vacas de acordo com seu valor genético para cada característica estão dispostas na Figura 7. A maior parte dos animais está concentrada abaixo de 0,05 de F. A correlação desfavorável das classificações pelo valor genético e o F é evidente na característica IPP.

**Figura 6.** Efeito do coeficiente de endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos de leite da raça Girolando.



IP: primeiro Intervalo de parto; IPP: idade de parto ao primeiro parto; LAC1: produção de leite na primeira lactação; LAC2: produção de leite na segunda lactação; LAC3: produção de leite na terceira; LAC123: produção de leite na e três primeiras lactações.

**Figura 7.** Dispersão da classificação das vacas, quanto seus valores genéticos, e coeficiente de endogamia de acordo com características produtivas e reprodutivas dos animais da raça Girolando.



IP: primeiro Intervalo de parto; IPP: idade de parto ao primeiro parto; LAC1: produção de leite na primeira lactação; LAC2: produção de leite na segunda lactação; LAC3: produção de leite na terceira; LAC123: produção de leite na e três primeiras lactações.

## 4. DISCUSSÃO

### 4.1. ESTRUTURA POPULACIONAL

O número de touros utilizados bem como o número de progênes por touro nas populações PopTotal e RefPop foram semelhantes (Tabela 2). O mesmo pode ser observado nas vacas, mesmo com a grande diferença no número de animais no pedigree. O número de progênes por touro na RefPS decai para menos de um terço quando comparado a RefPop, podendo ser explicado pelo fato desta população ser composta apenas por animais puro sintéticos. Assim, ancestrais cujas progênes derivam da população puro-sintético tiveram menos filhos contabilizados (ou foram pouco utilizados na reprodução em comparação com animais de outras composições raciais).

Os valores de ECG médio da RefPop e RefPS foram semelhantes entre si, entretanto diferenciaram-se bastante da PopTotal. Tanto a diferença entre o número de touros e vacas utilizados como o ECG médio são consequências da grande quantidade de fundadores (animais sem pais conhecidos) presentes no pedigree completo (PopTotal) e a sua baixa completude. O ECG médio da RefPop e RefPS são próximos aos observados nas raças Guzerá, Gir e Nelore no Brasil (FARIA et al., 2009).

Pedigrees esparsos são esperados em pedigrees de animais, principalmente de animais cruzados. Além disso, Canaza-Cayo et al. (2014) atribuíram a baixa completude ao recente tempo de formação da raça Girolando e de sua oficialização pelo Ministério (oficializada em 1996).

Ambos valores de  $N_e$  observados (Tabela 2) estão dentro do recomendado pela FAO (1998) para  $N_e$  de no mínimo 50 a 100 indivíduos. Os valores encontrados para  $N_e$  (GUTIÉRREZ, CERVANTES e GOVACHE, 2009) na RefPop são maiores do que os reportados por Peixoto et al. (2010) na raça Guzerá, e por Santana et al. (2014), na raça Gir. Os altos valores de  $N_e$  podem estar relacionados a recente formação da raça e por essa ser originada a partir de cruzamentos.

Manter alto o  $N_e$  da população e aumentar a intensidade de seleção para aumentar os ganhos genéticos são fatores antagônicos, por isso, deve-se trabalhar no sentido de aumentar as herdabilidades das características (MALHADO et al., 2008).

Os valores de  $f_e$  e  $f_a$  (RefPop) (Tabela 2) foram maiores do que os relatados nas raças Gir, Marchigiana, Bonsmara e Guzerá (REIS et al., 2010; SANTANA et al., 2011; PEIXOTO et al., 2010) e inferiores aos encontrados por Canaza-Cayo et al. (2014) também na raça Girolando. De acordo com Canaza-Cayo et al. (2014), os altos valores de  $f_a$  e  $f_e$  na raça Girolando são derivados dos tamanhos das populações, dos sistemas de produção e do procedimento de registro aberto adotado pela Associação de Criadores. Estes valores foram semelhantes aos encontrados por Silva et al. (2016) que constataram alto valores de  $f_e$  (473) e de  $f_a$  (471) na raça Holandesa, atribuindo esse fato às diferenças entre as estimativas encontradas nas populações ao uso desigual de ancestrais e fundadores na população de referência.

O  $f_e$  ignora possíveis afunilamentos do pedigree, causando uma forte subestimação quando o germoplasma de um limitado número de animais é dispersado (BOICHARD, Maignel e VERRIER, 1997).

A relação entre os coeficientes  $f_e$  e  $f_a$  permite avaliar a perda de variabilidade genética produzida pelo efeito fundador, que ocorre quando alguns indivíduos são selecionados da população original para formação de uma nova, como ocorre na formação do RefPS.

Os valores da relação  $f_e:f_a$  foram de 3,27 (RefPS) e 3,06 (RefPop), indicando possivelmente um forte efeito de gargalo na raça. Na raça Gir, Reis et al. (2010) detectaram relação de 1,95, Silva et al. (2016) detectaram relação de 1,00 na raça Holandesa. Na raça Marchigiana, em apenas 50 mil animais, Santana et al. (2011) detectaram relação de 3,75.

O maior grau de parentesco verificado na RefPS (Tabela 2) é um indicativo da proximidade dos animais usados para formação do PS. Possivelmente há pouca disponibilidade no mercado de animais de composição racial 5/8GH para uso na reprodução e formação do animal bi-mestiço (PS).

Valores semelhantes foram encontrados nas raças Guzerá (PEIXOTO et al., 2010), Gir (REIS et al., 2010) e Bonsmara (SANTANA et al., 2011), raça pura-sintética de composição 5/8 Afrikaner:3/16 Hereford: 3/16 Shorthorn provinda da África.

A maior parte dos indivíduos endogâmicos são fêmeas (Tabela 3), isso pode ser explicado por se tratar de uma população de bovinos leiteiros, onde a população é composta basicamente

por fêmeas. Quando comparado proporcionalmente, 32% dos machos são endogâmicos contra 0,06% das fêmeas.

Os valores de F médio (1,8%) foram menores do que os reportados em outras raças leiteiras (REIS et al., 2010; PEIXOTO et al., 2010; SØRENSEN, SØRENSEN e BERG, 2005; MIGLIOR, SZKOTNICKI e BURNSIDE, 1992; CROQUET et al., 2006). Para Canaza-Cayo et al. (2014) a introdução de novos animais, principalmente das raças Holandesa e Gir, contribuiu na redução da endogamia nos últimos anos.

Embora, em todas populações a maior parte dos animais estejam compreendidos no nível 1 de endogamia (Tabela 4) e, portanto, abaixo do valor crítico de F de 6,25 (FRANCK, 1997), os animais endogâmicos tem grande representatividade tanto na RefPS, quanto na RefPop. A grande proporção de animais endogâmicos (Tabela 4), principalmente, no puro-sintético refletem uma possível futura diminuição da diversidade da nova raça com composição racial a ser fixada (PS).

Na formação de raças em canídeos as contrações na variabilidade foram encontradas como sendo de uma ordem de magnitude maior que a contração de domesticação, sendo 5% de perda por domesticação e 35% pela formação da raça (GRAY et al., 2009).

O aumento da endogamia através das gerações (Figura 2) e o fato de observarmos poucos indivíduos endogâmicos nas primeiras gerações pode ser explicado devido ao fato de que fundadores não possuem genealogia conhecida, gerando baixo parentesco durante as primeiras gerações. Conforme ocorrem os acasalamentos e o aumento da completude de pedigree, aumenta-se a chance da presença de indivíduos endogâmicos.

A baixa porcentagem de endogâmicos nas ultimas gerações pode ser devido a pequena quantidade de indivíduos nas gerações avançadas. Contudo, vale ressaltar a crescente porcentagem de endogâmicos no decorrer das gerações. O mesmo ocorre quando se observa a porcentagem de endogâmicos registados ao ano (Figura 3), com tendência de aumento de F constante ao longo dos anos. O aumento constante pode ser derivado da grande quantidade de touros disponíveis, tanto da própria raça quanto das raças parentais, Holandês e Gir.

O pico no porcentual de animais endogâmicos no ano de 1977 é decorrente do baixo número de animais registrados (13) nesse ano e o surgimento do primeiro animal endogâmico na população.

Os intervalos de geração verificados na PopTotal e RefPop (Tabela 5) foram similares e podem ser explicados pelo fato da diferença entre as populações serem em maior parte devido ao número de fundadores. O maior intervalo detectado foi através do pai, o qual pode ser devido ao uso contínuo de certos touros sem reposição ou uso sistemático do sêmen de um mesmo touro via inseminação artificial ou até mesmo devido a idade avançada do touro quando seu teste de progênie é publicado (REIS et al., 2010). Com o uso de reprodutores por mais tempo aumenta-se a intensidade de seleção e o produtor pode aumentar o ganho genético por geração, entretanto, aumenta o intervalo de geração e reduz o ganho genético por tempo (CANAZA-CAYO et al., 2014).

Na RefPS, o intervalo Pai → Filho(a) foi similar ao intervalo Mãe → Filho(a), indicando o uso de touros jovens, intensificação de produção, planejamento do direcionamento dos acasalamentos e possível incentivo por parte da associação para uso de touros cruzados para a formação do PS.

Observando a Figura 4 é possível inferir sobre o fluxo gênico entre rebanhos de diversos estados. A maior diferença entre parentesco médio é observada entre os estados. Com o uso de tecnologias reprodutivas é possível romper as barreiras de distâncias entre as regiões, como, por exemplo, o estado de Alagoas que possui parentesco com todos os demais estados, podendo ser devido ao uso de inseminação artificial, transferência de embriões e/ou movimentação de animais (compra e venda).

Nos últimos anos a raça Girolando apresentou maior crescimento na comercialização de sêmen no Brasil (PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA RAÇA GIROLANDO, 2017). Os animais da raça Girolando estão distribuídos em todas as regiões, com maior concentração nas regiões centro-oeste e sudeste. Essas regiões apresentaram menores custos com insumos, além disso o fator climático é um dos principais interferentes na produção animal (COSTA, 2016) e pode estar influenciando na distribuição dos animais.



## 4.2. COMPONENTES DE VARIÂNCIA

As variâncias aditivas das produções de leite foram similares entre si (Tabela 7). As herdabilidades das características produtivas foram inferiores as reportadas na raça Holandesa (0,25) por Costa et al. (2000), na raça Gir (0,28) por Pereira et al. (2008) e por Canaza-Cayo et al. (2016) na raça Girolando (0,24).

Os valores de herdabilidade obtidos para IPP foram superiores aos relatados por Pereira et al. (2016) em raças zebuínas (0,04 – 0,10) e por Canaza-Cayo et al. (2016) na raça Girolando (0,18). A herdabilidade de IPP foi maior possivelmente devido ao fato das fêmeas serem expostas mais jovens aos machos ou a inseminação, uma vez que fêmeas velhas já atingiram a puberdade tornando-se mais difícil detectar as diferenças genéticas (PEREIRA, ELER e FERRAZ, 2002).

Para a característica IP as herdabilidades foram similares (0,02-0,1) as encontradas por Canaza-Cayo et al. (2016) (0,03) e Pereira et al. (2016).

Menezes (2017) atribuiu a diferente magnitude encontrada na característica perímetro escrotal aos 18 meses em Nelore aos modelos utilizados. A estimativa da herdabilidade é influenciada pela estrutura dos dados e estrutura e conectividade populacional, além dos modelos e metodologias utilizadas.

## 4.3. EFEITO DA ENDOGAMIA

A porcentagem de animais endogâmicos e com fenótipo mensurados foi baixa (Tabela 6) e o valor de F ficou concentrado nos menores valores (Figura 5). A estrutura dos dados e a distribuição em relação ao F dificultou o ajuste dos modelos avaliados.

Na seleção de modelos em estudos anteriores de depressão endogâmica é comum o uso do teste de hipótese sobre os parâmetros a fim selecionar o modelo cujo parâmetro crítico tem associação significativa com a variável resposta (CARRILLO e SIEWARDT, 2010; MALHADO et al., 2013; PEREIRA et al., 2016). Contudo, não há teoria que sugira que essa estratégia vá levar a um modelo com boas propriedades inferenciais, e o grande problema é como o resultado do teste será incorporado na construção de um bom modelo de inferência (BURNHAM e ANDERSON,

2002). Questões de significância são diretamente relacionadas ao tamanho da amostra e nem sempre um efeito não significativo deve ser removido (BLASCO, 2017). As questões levantadas nesse estudo são relacionadas a questões de estimativas e não a testes de hipótese.

O AIC foi escolhido como critério na seleção dos modelos nesse estudo em detrimento do teste de hipótese. As significâncias dos parâmetros críticos foram descritas nas Tabela 8 apenas para fim de demonstração de divergência entre as estratégias de seleção de modelo. Entretanto, o fato de não haver valor de corte para o AIC que promova uma indicação de importância (significância) deixa em um primeiro momento muitos pesquisadores frustrados (BURNHAM e ANDERSON, 2002). Testes de hipótese não devem ser misturados ao AIC, um erro comum na tentativa de classificar os modelos com base nas diferenças desse critério (BURNHAM e ANDERSON, 2002).

A diferença entre os modelos foi baseada no nível empírico de suporte do modelo. Diferenças de até 2 pontos no AIC são consideradas substanciais, diferenças entre 4 a 7 são consideráveis e diferenças maiores que 10 essenciais (BURNHAM e ANDERSON, 2002). Nenhum dos modelos apresentou diferença concreta de sua superioridade (Tabela 9). Além disso, os  $w_i$  não foram suficientemente maiores em um dado modelo (maior que 0,9) que possibilite inferir certeza na seleção dele. Quando observado os modelos com parâmetros significativos (Tabela 8) e modelos com  $\Delta_i$  de zero (Tabela 9) notaremos inconsistência na comparação dos resultados em algumas características.

Nenhum dos modelos apresentou certeza sobre sua escolha. Grueber et al. (2011) relataram problemas quando aplicado informação teórica para seleção de modelos em análise de modelagem dos efeitos da endogamia em populações selvagens. Fatores como estrutura dos dados e distribuição dos valores do erro e de F, concentrado nos valores próximos a zero, pode ter influenciado a incerteza.

Seleção de modelos é normalmente tratada como a seleção do melhor modelo em que a inferência é feita apenas sobre suas condições. Todavia, a incerteza sobre a seleção dos modelos deve ser levada em consideração. O objetivo das análises nem sempre são encontrar o “modelo verdadeiro”, mas sim, o modelo que melhor se aproxima desse e que os dados podem suportar (BURNHAM e ANDERSON, 2002). Além disso, a decisão final sobre a seleção do modelo não pode

ser a regra depois de aplicar um critério, a decisão deve ser baseada em razões biológicas, econômicas e práticas (BLASCO, 2017).

Para Carrillo e Siewerdt (2010) o modelo de Michaelis-Menten ajusta melhor os dados que os modelos linear e exponencial, principalmente quando estão presentes altos níveis de endogamia, mas ambos são adequados para estimar a depressão endogâmica, já o modelo quadrático não foi consistentemente de sucesso em nenhum dos casos. Malhado et al. (2013) constataram que valores de F maiores de 20% não possuem linearidade e o modelo de Michaelis-Menten se aproximou mais dos fenômenos.

Croquet et al. (2006), Miglior, Burnside e Kennedy (1995) e Miglior, Szkotnicki e Burnside (1992) usaram o efeito de F incluído no modelo animal como covariável linear. Pryce et al. (2014) utilizaram como covariável no modelo animal o efeito linear e quadrático, mas somente o primeiro efeito foi significativo. Entretanto, Reis et al. (2010) usando F como covariável encontraram ambos efeitos significativos (linear e quadrático).

O modelo linear é mais simples de ajustar e seus parâmetros têm uma interpretação direta (CARRILLO e SIEWERDT, 2010). A frequente associação linear entre endogamia e características de desempenho é compatível com a hipótese de dominância, correspondente a perda da heterozigose e aumento de homozigotos recessivos deletérios a medida que F aumenta, ignorando o efeito epistático (CAROLINO e GAMA, 2008). Talvez esse seja o fator que leve muitos pesquisadores a escolherem tal modelo como preditor do efeito de F facilitando a interpretação deste fenômeno complexo. Apesar disso, o modelo de Michaelis-Menten também possui interpretação biológica, os valores de  $\beta_1$  podem ser considerados valores assintomáticos para os fenótipos e os valores de  $\beta_2$  a taxa de degradação (MALHADO et al., 2013).

Essa divergência e dificuldade na escolha de modelos em trabalhos anteriores (CARRILLO e SIEWERDT, 2010; MALHADO et al., 2013; CROQUET et al., 2006; REIS et al., 2010) que melhor representem o efeito de F pode indicar uma incerteza sobre a escolha do modelo que melhor ajuste o efeito biológico da endogamia sobre características reprodutivas e produtivas. A consequência da endogamia é derivada de uma série de fatores e de interações entre eles. A depressão endogâmica é a combinação da diminuição da heterozigose, afetando a habilidade de explorar o efeito direto da dominância, e do aumento da homozigose, afetando a codificação, por

exemplo, de enzimas que tem função crítica na via bioquímica de expressão do fenótipo, além do impacto de supressão reprodutiva e letalidade (MALHADO et al., 2013).

Contudo, com base no critério de seleção adotado neste estudo nenhum dos modelos pode ser selecionado com certeza para estimar o efeito da endogamia (Tabela 9). Os resultados desse trabalho foram discutidos principalmente baseados apenas na predição média, ou seja, a predição dos modelos ponderadas pelos seus  $w_i$ , não estimando novos parâmetros para um modelo médio, uma vez que se busca essencialmente a estimativa do efeito de F, não relação direta parâmetro variável resposta (F) dentre os diferentes modelos. Com o  $w_i$  é possível montar a curva média ponderando as estimativas de cada modelo e atribuindo características específicas de cada um destes modelos.

Houve grande variação entre os efeitos estimados pelos modelos linear e quadrático e os modelos exponencial e Michaelis-Menten na característica IP (Figura 6). O  $w_i$  dos últimos dois foi ao todo de 0,59, deslocando a predição média para baixo. Apenas o modelo de Michaelis-Menten apresentou um decréscimo de IP com aumento de F. O efeito médio de F para IP foi um aumento de 0,11 mês quando  $F = 0,15$ . Malhado et al. (2013) encontraram valor similar em búfalos, com aumento de 0,164 dias por 1% de F, o equivalente a 0,082 mês para animais com F igual a 0,15. Já Pereira et. al (2016) encontraram aumento de 0,66 dias a cada 1% de F em raças zebuínas, equivalente a 0,33 meses em animais com F de 0,15.

A característica IPP apresentou parâmetros críticos significativos em quase todos os modelos, exceto no modelo quadrático. Entretanto, há uma diferença de mais de 1 mês na estimativa do efeito de 0,15 de F entre os modelos. Essa diferença demonstra a dificuldade de ambos modelos ajustarem os dados e gerarem incerteza na escolha mesmo quando há significância de parâmetros. Nesta característica, o modelo de Michaelis-Menten possuiu o maior  $w_i$  (0,77), ainda não sendo suficiente para uma seleção com certeza, mas, mesmo assim deslocando fortemente para próximo de si a predição média (Figura 6). Segundo tal predição houve aumento de 0,46 mês em animais com F igual a 0,15. Estudos anteriores relataram valores de aumento de 0,1 até 0,86 mês quando equiparados a 0,15 de F (CAROLINO e GAMA, 2008; MC PARLAND et al. ,2016; PEREIRA et al., 2016).

Na LAC1 o modelo quadrático apresentou menor  $w_i$  (Tabela 9), enquanto o restante dos modelos dividiu as probabilidades de representarem o melhor modelo. A predição média ficou muito similar a representada pelo modelo exponencial, cujo qual também teve seu parâmetro crítico significativo, com redução de 70,4 kg de leite em 0,15 de F. Já na LAC2 há uma grande diferença entre o exponencial e o quadrático, ambos de  $w_i$  médio o que fez com que a predição média ficasse próxima ao modelo linear, modelo cujo  $w_i$  foi maior, com decréscimo de 140 kg de leite.

Na LAC3, o modelo quadrático superou os  $w_i$  dos demais modelos (0,59) e puxou a predição média para si (Figura 6). Entretanto, neste modelo após 0,1 de F a endogamia passa a apresentar um acréscimo na produção de leite. A diminuição da produção de leite acumulada com  $F = 0,15$ , segundo a predição média, foi de 231,4 kg. A LAC123, também segundo a predição média, teve resultados semelhantes a LAC1 com redução de 85,5 kg em 0,15 de F (Figura 6).

O efeito da endogamia nas produções de leite quando equiparados ao efeito de cada 1% de endogamia variaram de 4,7 kg a 15,4 kg. Croquet et al. (2006) constataram menores diferenças entre as lactações do que as encontradas no presente trabalho com decréscimo nas três primeiras lactações de 19,7kg na raça Holandesa. Malhado et al. (2013) encontraram valores muito superiores de depressão na produção de leite em búfalos, com decréscimo de 50,4 kg de leite. Pryce et al. (2014) constataram redução de 21,1 kg e 12 kg na produção de leite na raça Holandesa e Jersey, respectivamente.

Miglior, Burnside e Kennedy (1995) na raça Holandesa encontraram redução de 24,8 a 25,14 kg de leite e Miglior, Szkotnicki e Burnside (1992) na raça Jersey, encontraram redução de 9,84 a 14,8 kg. Silva et al. (2001) constataram redução de apenas 1,15 kg por incremento de 1% de F. Os resultados obtidos para produção de leite demonstram um aumento do efeito de F sobre a sequência das lactações e uma redução maior na produção de leite na terceira lactação, onde a vaca deveria estar no pico de sua produção. Smith, Cassell e Pearson (1998) encontraram efeito cumulativo da endogamia no desempenho ao longo da vida de bovinos leiteiros como sendo maior que o efeito da endogamia sobre a característica individual.

Além dos efeitos relatados já relatados Reis et al. (2010) relataram efeitos de F sobre características como a habilidade de permanência da vaca no rebanho e probabilidade de prenhez

aos 14 meses, esta última relacionada a precocidade das fêmeas. Thompson, Everett e Hammerschmidt (2000) também relataram ainda uma redução da sobrevivência dos animais com o aumento de F.

O efeito de F não foi visível sobre a classificação das vacas quanto seus valores genéticos para as características produtivas e para a característica reprodutiva IP (Figura 7). Na característica de IPP é nítida a influência de F sobre a classificação dos animais pelo seu mérito genético.

O mesmo foi constatado por Silva et al. (2001) tanto para IPP quanto para classificação de valores genéticos para produção de leite. A deterioração dessa característica mesmo em níveis baixos de endogamia foi constatada por Bezdíček, Stádník e Louda (2015). O efeito da endogamia possivelmente afeta primeiro características reprodutivas como IPP, causando variação na idade a puberdade. Entretanto, na característica IP esse fato não foi observado.

Young et al. (1969), por exemplo, constataram que o intervalo de parto e o próximo cio, não propriamente o próximo parto, foi menor em animais endogâmicos. Talvez devido a essa complexidade da característica e a baixa herdabilidade não houve efeito sobre a classificação dos animais em baixos níveis de endogamia.

Para Silva et al. (2001) até 10% de F não há influência na classificação dos animais. Entretanto poucos animais representados nesse estudo possuem F maior que 0,10 (Figura 5) o que pode ter mascarado a influência da endogamia sobre os valores genéticos, nestas populações.

## **5. CONCLUSÃO**

Os valores de número efetivo de fundadores e ancestrais possivelmente indicam um efeito de gargalo nas populações, quer seja ela de animais Girolando ou bi-mestiços (Puro-Sintético). Embora a raça Girolando apresente animais com baixos níveis de endogamia (menor que 0,05) há uma expressiva proporção de endogâmicos na população de animais puro-sintético e nos reprodutores machos.

Não há uma indicação única de um modelo matemático que melhor represente o efeito depressivo da endogamia sobre as características produtivas e reprodutivas. Observou-se haver uma incerteza na indicação do modelo mais adequado para descrever o comportamento de tal efeito sobre o desempenho dos rebanhos de animais. Ainda assim, quase todos os modelos (linear, quadrático, exponencial e Michaelis-Menten) apontaram claramente haver efeito depressivo (negativo) da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas.

A confirmação desse efeito depressivo da endogamia aliado a significativa presença de animais endogâmicos alerta os técnicos e criadores para a necessidade da realização de um controle mais rígido dos acasalamentos mesmo em raça cruzada como a Girolando, principalmente no direcionamento dos acasalamentos para a fixação do puro-sintético.

Programas de acasalamento dirigido devem ser feitos afim de reduzir o incremento da endogamia e garantir a variabilidade genética visando manter a expressiva adaptação dos animais em diferentes ambientes, assim como a possibilidade de sustentar os avanços no melhoramento genético da raça.

## 6. REFERÊNCIAS

- ANDERSON, D. R. **Model Based Inference in the Life Sciences: A Primer on Evidence**. Fort Collins: Springer, 2008. 199 p.
- BLASCO, A. **Bayesian Data Analysis for Animal Scientists: the basis**. València: Springer, 2017. 182 p.
- BEZDÍČEK, J.; STÁDNÍK, L.; LOUDA, F. The influence of inbreeding depression on reproduction traits - Age at first calving in dairy cows. **Bulgarian Journal of Agricultural Science**, Sofia, v. 21, n. 3, p. 686-692, 2015.
- BOICHARD, D.; Maignel, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, Jouy en Josas, v. 29, n. 1, p. 5–23, 1997.
- BOVINE HAPMAP CONSORTIUM. Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. **Science**, Washington, v. 324, p.528-532, 2009.
- BURNHAM, K. P.; ANDERSON, D. R. **Model Selection and Multimodel Inference: A Practical Information-Theoretic Approach**. 2. Fort Collins: Springer, 2002. 515 p.
- BUSSIMAN, F. O.; PEREZ, B. C.; VENTURA, R. V.; PEIXOTO, M. G. C. D.; CURI, R. A.; BALIEIRO, J. C. C. Pedigree analysis and inbreeding effects over morphological traits in Campolina horse population. **Animal**, Cambridge, v. 22, p. 1-10, 2018.
- CANAZA-CAYO, A. W., LOPES, P.S., SILVA, M.V.G.B., COBUCCI, J.A., TORRES, R.A., MARTINS, M.F.; ARBEX, W.A. Estrutura populacional da raça Girolando. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 44, n. 11, p. 2072–2077, 2014.
- CANAZA-CAYO, A. W.; COBUCCI, J. A.; LOPES, P. S.; TORRES, R. A.; MARTINS, M. F.; DALTRO, D. S.; SILVA, M. V. G. B. Genetic Trend Estimates for Milk Yield Production and Fertility Traits of the Girolando Cattle in Brazil. **Livestock science**, Foulum, v. 190, p. 113–122, 2016.
- CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Inbreeding depression on beef cattle traits: estimate, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. **Genetics Selection Evolution**, Jouy en Josas, v. 40, p. 511–527, 2008.
- CARRILLO, J. A.; SIEWERDT, F. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, p. 87–95, 2010.



- COSTA, C. N.; BLAKE, R. W.; POLLAK, E. J.; OLTENACU, P. A.; QUAAS, R. L.; SEARLE, S. R. Genetic Analysis of Holstein Cattle Populations in Brazil and the United States. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p. 2963–2974, 2000.
- COSTA, N. S. **Dinâmica espacial da Raça Girolando no Brasil, análise da integração genética e fatores ambientais**. 2016. 46 f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Geografia, Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, 2016.
- CROQUET, C.; MAYERES, P.; GILLON, A.; VANDERICK, S.; GENGLER, N. Inbreeding Depression for Global and Partial Economic Indexes, Production, Type and Functional Traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 89, p. 2257–2267, 2006.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464p.
- FARIA, F. J. C.; FILHO, A. E. V.; MADALENA, F. E.; JOSAHKIAN, L. A. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Helsinki, v. 126, p. 148–153, 2009.
- FRANCK, R. Inbreeding steals profits. **Dairy Herd Management**, Lenexa, p.46-50. 1997.
- GONZÁLEZ-RECIO, O.; LÓPEZ DE MATURANA, E.; GUTIÉRREZ, J. P. Inbreeding Depression on Female Fertility and Calving Ease in Spanish Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 5744–5752, 2007.
- GRAY, M. M.; GRANKA J. M.; BUSTAMANTE, C. D.; SUTTER, N. B.; BOYKO, A. R.; LAN ZHU; OSTRANDER, E. A.; WAYNE, R. K. Linkage Disequilibrium and Demographic History of Wild and Domestic Canids. **Genetics**, Aurora, v. 181, n. 4, p. 1493-1505, 2009.
- GRUEBER, C. E.; NAKAGAWA, S.; LAWS, R. J.; JAMIESON, I. G. Multimodel inference in ecology and evolution: challenges and solutions. **Journal of Evolutionary Biology**, Zurich, v. 24. p. 699–711, 2011.
- GUTIÉRREZ, J. P.; CERVANTES, I.; MOLINA, A.; VALERA, M.; GOYACHE, F. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, Jouy en Josas, v. 40, p. 359–378, 2008.
- GUTIÉRREZ, J.P.; CERVANTES, I.; GOVACHE, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Helsinki, v. 126, n. 4, p. 327-332, 2009.
- HOFFMANN, I. Climate change and the characterization, breeding and conservation of animal genetic resources. **Animal Genetics**, Uppsala, v. 41, n. 1, p. 32-46, 2010.

- KELLER, L.F.; WALLER, D.M. Inbreeding effects in wild populations. **Trends in Ecology & Evolution**, Cambridge, v. 17, p.230–241, 2002.
- Maignel, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. **Interbull Bulletin**, Uppsala, v.14, p. 49–54, 1996.
- MALÉCOT, G. Les Mathématiques de l'hérédité. Paris: Masson et Cie, 1948. 63 p.
- MALHADO, C. H. M.; CARNEIRO, P. L. S.; PEREIRA, D. G.; MARTINS FILHO, R. Progresso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 9, p. 1163-1169, 2008.
- MALHADO, C. H. M.; MALHADO, A. C. M.; CARNEIRO, P. L. S.; RAMOS, A. A.; CARRILLO, J. A.; PALA, A. Inbreeding depression on production and reproduction traits of buffaloes from Brazil. **Animal Science Journal**, England, v. 84, p. 289–295, 2013.
- MC PARLAND, S.; KEARNEY, J. F.; RATH, M.; BERRY, D. P. Inbreeding Effects on Milk Production, Calving Performance, Fertility, and Conformation in Irish Holstein-Friesians. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 90, p. 4411–4419.
- MENEZES, I. R. **Estimativa de parâmetros genéticos de características produtivas e reprodutivas de bovinos Nelore, utilizando análises multicaracterísticas, componentes principais e análise de fatores**. 2017. 54 f. Dissertação (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade de São Paulo, Pirassununga, São Paulo, 2017.
- MEUWISSEN, T.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, Jouy en Josas, v. 24, p. 305-313, 1992.
- MIGLIOR, F.; SZKOTNICKI, B.; BURNSIDE, E. B. Analysis of Levels of Inbreeding and Inbreeding Depression in Jersey Cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 75, p. 1112-1118, 1992.
- MIGLIOR, F.; BURNSIDE, E. B.; KENNEDY, B. W. Production Traits Genetic Variance of Holstein Cattle: Estimation of Nonadditive Components and Inbreeding Depression. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 78, p. 1174-1180, 1995.
- MISZTAL, I.; TSURUTA, T.; STRABEL, T.; AUVRAY, B.; DRUET, T.; LEE, D. H. BLUPF90 and Related Programs (BGF90). In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 7. 2002, Montpellier. **Proceedings...** Montpellier, 2002. p.07-08.

- 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 Guzarat (*Bos indicus*) subpopulation selected for milk production. **Livestock Science**, Foulum, v. 131, p. 168–174, 2010.
- PEREIRA, E.; ELER, J. P.; FERRAZ, J. B. S. Análise genética de características reprodutivas na raça Nelore. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 5, p. 703-708, 2002.
- PEREIRA, R. J.; SANTANA JUNIOR, M. L., AYRES, D. R.; BIGNARDI, A. B.; MENEZES, G. R. O.; SILVA, L. O. C.; MACHADO, C. H. C.; JOSAHKIAN, L. A.; ALBUQUERQUE, L. G. Inbreeding depression in Zebu cattle traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Helsink, v. 133, n. 6, p. 523-533, 2016.
- PROGRAMA de Melhoramento Genético da Raça Girolando: Sumário de Touros e Resultado do Teste de Progênie junho/2017. Juiz de Fora: EMBRAPA Gado de Leite, 2017. 56 p.
- PRYCE, J. E.; HAILE-MARIAM, M.; GODDARD, M. E.; HAYES, B. J. Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, Jouy en Josas, v. 46, p.71-84, 2014.
- REIS FILHO, J. C.; LOPES, P. S.; VERNEQUE, R. S.; TORRES, R. A.; TEODORO, R. L.; CARNEIRO, P. L. S. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasília, v. 39, n. 12, p. 2640-2645, 2010.
- REIS FILHO, J. C.; VERNEQUE, R. S.; TORRES, R. A.; LOPES, P. S.; RAIDAN, F. S. S.; TORAL, F. L. B. Inbreeding on productive and reproductive traits of dairy Gyr cattle. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasília, v. 44, p. 174-179, 2015.
- SANTANA JÚNIOR, M. L.; ASPICULETA-BOSQUIS, R. R.; BIGNARDI, A. B.; ALBURQUERQUE, L. G.; TONHATI, H. Population structure and effects of inbreeding on Milk yield and quality of Murrah buffaloes. **Journal Dairy Science**, Champaign, v. 94, p. 5204–52011, 2011.
- SANTANA JÚNIOR. M.L.; PEREIRA, R.J.; BIGNARDI, A.B.; EL FARO, L.; TONHATI, H.; ALBUQUERQUE, L.G. History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, Foulum, v. 163, p. 26-33, 2014.
- SECONDARY guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at risk. Roma: FAO, 1998. 210 p.
- SILVA, M. H. A.; MALHADO, C. H. M.; COSTA Jr., J. L.; COBUCI, J. A.; COSTA, C. N.; CARNEIRO, P. L. S. Population genetic structure in the Holstein breed in Brazil. **Tropical Animal Health Production**, Roslin, v. 48, p.331–336, 2016.

- SILVA, M. V. G. B.; FERREIRA, W. J.; COBUCI, J. A.; GUARAGNA, G. P.; OLIVEIRA, P. R. P. Efeito da Endogamia sobre Características Produtivas e Reprodutivas de Bovinos do Ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Brasília, v. 30, n. 4, p. 1236-1242, 2001.
- SMITH, L. A.; CASSELL, B. G.; PEARSON, R. R. The Effects of Inbreeding on the Lifetime Performance of Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 81, p. 2729-2737, 1998.
- SØRENSEN, A. C.; SØRENSEN, M. K.; BERG, P. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, p.1865–1872, 2005.
- STRANDÉN, I.; VUORI, K.. Relax2: pedigree analysis programme. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8. 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006. p.13-18.
- THOMPSON, J. R.; EVERETT, R. W.; HAMMERSCHMIDT, N. L. Effects of Inbreeding on Production and Survival in Holsteins. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 83, p.1856–1864, 2000.
- WICKHAM, H. **ggplot2**: Elegant Graphics for Data Analysis. New York: Springer, 2009.
- YOUNG, C. W.; TYLER, W. J.; FREEMAN, A. E.; VOELKER, H. H.; MCGILLIARD, L. D.; LUDWICK, T. M. Inbreeding investigations with dairy cattle in the North Central region of the United States. **Minnesota Agricultural Experiment Station Technical bulletin**, Saint Paul, v. 266, 1969.