



Universidade Federal do Pará
Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural
Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Amazônia Oriental
Universidade Federal Rural da Amazônia

Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal

Larissa Coelho Marques

**ANÁLISE DE *PEDIGREE* APLICADA A BÚFALOS (*Bubalus*
bubalis kerebao) EM CONSERVAÇÃO NA AMAZÔNIA
ORIENTAL**

Larissa Coelho Marques

ANÁLISE DE *PEDIGREE* APLICADA A BÚFALOS (*Bubalus
bubalis kerebao*) EM CONSERVAÇÃO NA AMAZÔNIA
ORIENTAL

Dissertação apresentada para obtenção do grau de Mestre em Ciência Animal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural. Universidade Federal do Pará. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Amazônia Oriental. Universidade Federal Rural da Amazônia.
Área de concentração: Produção Animal.
Orientadora: Cíntia Righetti Marcondes.

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) –
BIBLIOTECA NÚCLEO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E DESENVOLVIMENTO RURAL / UFPA,
BELÉM-PA**

Marques, Larissa Coelho

Análise de *pedigree* aplicada a búfalos (*Bubalus bubalis kerebao*) em conservação na Amazônia Oriental / Larissa Coelho Marques; orientadora, Cíntia Righetti Marcondes - 2009.

Dissertação (mestrado) – Universidade Federal do Pará, Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal, Belém, 2009.

1. Búfalo – Melhoramento genético - Amazônia. 2. Produção animal. I. Título.

CDD – 22.ed 636.293

Larissa Coelho Marques

ANÁLISE DE *PEDIGREE* APLICADA A BÚFALOS (*Bubalus
bubalis kerebao*) EM CONSERVAÇÃO NA AMAZÔNIA
ORIENTAL

Dissertação apresentada para obtenção do grau de Mestre em
Ciência Animal. Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal.
Núcleo de Ciências Agrárias e Desenvolvimento Rural.
Universidade Federal do Pará. Empresa Brasileira de Pesquisa
Agropecuária – Amazônia Oriental. Universidade Federal Rural da
Amazônia.

Área de concentração: Produção Animal.

Data: 26/08/2009

Banca Examinadora:

Dra. Cíntia Righetti Marcondes
Embrapa Amazônia Oriental
Orientadora

Dr. Pedro Alejandro Vozzi
Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto

Dr. Cristian Faturi
Universidade Federal Rural da Amazônia

Ao meu filho Alexandre

AGRADECIMENTOS

Agradeço aos meus pais e meu filho, pela paciência, confiança e incentivo demonstrado ao longo desse trabalho.

À minha orientadora Dra. Cíntia Righetti Marcondes pelos ensinamentos, dedicação, comprometimento e confiança.

À Embrapa Amazônia Oriental pela cessão dos dados zootécnicos dos animais.

À Universidade Federal do Pará – UFPA – Curso de Pós Graduação em Ciência Animal, pela possibilidade de engrandecer meus conhecimentos.

À Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA) pela minha formação acadêmica.

À Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores – ANCP – na figura do Dr. Pedro Alejandro Voizzi, pelas valiosas correções, disponibilizar e rodar os programas usados na análise dos dados da dissertação.

As estagiárias da EMBRAPA do Programa de Melhoramento Genético de Bubalinos do Estado do Pará, Brena e Zuleide Rafaela, pela ajuda com a organização dos dados.

Aos amigos da pós-graduação, pelos momentos de concentração e descontração, em especial a Elizabeth Barbosa, Rafaela Ferreira e Lutero de Andrade.

As minhas amigas, que sempre foram verdadeiras irmãs, Izabella Vasconcelos e Patrícia Arêas pela amizade e incentivo recebido todos esses anos.

A amiga Ana Carolina de Barros Moura por suas palavras sábias, companheira de horas difíceis.

Aos meus “pais” do coração Horta e Vânia Moreira, pelo carinho e momentos de alegria vividos.

À amiga Juliana Flor de Aguiar, pela presença, pela força, pela amizade e por suas correções essenciais para finalização desse trabalho.

Ao amigo Raimundo Nonato Colares Camargo Júnior, por sempre se fazer presente, por tornar muitas vezes momentos difíceis em momentos de leveza e aprendizado, sendo um verdadeiro irmão.

Aos meus amigos, colegas, conhecidos, enfim, todos que de maneira direta ou indireta contribuíram, acreditaram, fizeram me rir quando quis chorar, entenderam a ausência, a falta de atenção e paciência, o meu MUITO OBRIGADA!

“Erros e acertos são filhos do mesmo pai e a mãe que fez a dúvida deu vida a certeza e o tempo há de mostrar o mundo se transformar”

Nando Reis

RESUMO

O trabalho analisa a genética de bubalinos da raça Carabao em conservação, provenientes dos rebanhos das fazendas Campo Experimental do Baixo Amazonas (CEBA) e do Banco de Germoplasma Animal do Marajó (BAGAM). O arquivo contou com 445 informações de parentesco (215 machos e 230 fêmeas) com nascimentos entre maio de 1976 e setembro de 2008. Para estudo de pedigree e determinação dos parâmetros genéticos, a média de filhos/mãe foi de 2,7, sendo 131 mães e cinco pais diferentes. O número de fundadores foi igual a 32 animais, o número efetivo de fundadores (Nfun) igual a 5,3 indivíduos; número efetivo de ancestrais (Na) igual a 4,73 animais; o número efetivo de genomas remanescentes (Ng) igual a 3,79 indivíduos; a razão Nfun/Na foi de 1,12 e o indicativo do processo de deriva genética (Ng/Nfun) foi 0,66. Constatou-se que 11 animais, nascidos entre 1987 e 2000, responderam por 84% da contribuição genética do rebanho, sendo que apenas um reprodutor responsável por 42% da contribuição genética. O intervalo de geração médio ficou próximo a oito anos. O número de animais endogâmicos, os coeficientes médios de endogamia (F) da população e entre os endogâmicos, por geração foram 69, 1,85% e 11,95%, respectivamente, sendo os animais endogâmicos agrupados, em sua maioria, na classe de 10 a 15% de coeficiente individual de endogamia. Estes resultados apontam provável efeito gargalo e deriva genética dessa população por perda de alelos pelo pequeno número de indivíduos usados nos acasalamentos, e aumento da endogamia. A adoção de nova estratégia de acasalamento e a busca de possíveis reprodutores $2n = 48$, para serem utilizados no rebanho, possibilitaria a redução da perda de variabilidade genética do rebanho Carabao.

Palavras-chave: Genética, Búfalos, Endogamia, Estudos populacionais, Contribuição genética marginal, Deriva genética.

ABSTRACT

The study has the objective to carry out a genetic analysis of breed Carabao buffaloes in conservation, from farms “Campo Experimental do Baixo Amazonas” - CEBA and “Banco de Germoplasma Animal da Amazônia Oriental” - BAGAM. The file was attended by 445 of pedigree information (215 males and 230 females), with births between may 1976 and september 2008. To study of pedigree and the genetic parameters determining the average number of herd / female was 2.7, with 131 female and five different sires. The number of founders was equal to 32 animals, the effective number of founders (N_{fun}) equal to 5.3 individuals; effective number of ancestors (N_a) equal to 4.73 animals, the actual number of remaining genomes (N_g) equals 3.79 individuals; reason N_{fun} / N_a was 1.12 and indicated the process of genetic drift (N_g / N_{fun}) was 0.66. Found that 11 animals born between 1987 and 2000, answered 84% of the genetics of the herd, and only one sire was responsible for 42% of the genetic contribution, the average generation interval was close to eight years in four passes gametes the number of inbred animals, the mean coefficient of inbreeding (F) of the population and between inbred per generation were 69, 1.85% and 11.95%, respectively, and inbred animals grouped mostly in the class of 10 - 15% of the individual coefficient of inbreeding. These results indicate likely bottleneck effect and genetic drift in this population the loss of alleles by the small number of individuals used for breeding, and increased inbreeding. The adoption of new mating strategy and the search for possible breeding 2n = 48 for use in the herd, would allow the reduction of loss of genetic variability of the herd Carabao.

Keywords: Genetics, Buffalo, Inbreeding, population studies, marginal genetic contribution, genetic drift.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

FIGURA	1	Mapa ilustrativo do Brasil mostrando a localização das diferentes espécies e raças consideradas em perigo de extinção.	19
FIGURA	2	Evolução do Banco de DNA ao longo dos anos.	20
FIGURA	3	Número de animais Carabao no arquivo genealógico da Embrapa Amazônia Oriental.	32
FIGURA	4	Número de animais Carabao, por sexo, no arquivo genealógico da Embrapa Amazonia Oriental nas últimas décadas.	34
FIGURA	5	Nascimentos dos animais no arquivo genealógico da raça Carabao, em duas estações distintas.	35
FIGURA	6	Distribuição de nascimentos na fazenda do BAGAM, na Ilha do Marajó, nos meses de julho a dezembro.	36
FIGURA	7	Número médio de ancestrais no pedigree do Carabao por ano de nascimento e sexo	42
FIGURA	8	Número de gerações equivalentes no pedigree do Carabao por ano de nascimento e sexo.	43
FIGURA	9	Distribuição por classe de endogamia individual dos indivíduos endogâmicos.	45

LISTA DE TABELAS

TABELA	1	Classificação zoológica dos bubalinos.	15
TABELA	2	Número de pais e mães conhecidos ou não, por período de nascimento dos animais Carabao.	33
TABELA	3	Intervalos de geração médios, em anos, nas quatro passagens gaméticas.	37
TABELA	4	Principais parâmetros populacionais calculados para búfalos Carabao.	38
TABELA	5	Contribuição acumulada dos principais indivíduos analisados.	40
TABELA	6	Demonstrativo dos animais endogâmicos, coeficientes médios de endogamia (F) da população e entre os endogâmicos, por geração.	43

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	12
2 REVISÃO DE LITERATURA	14
2.1 HISTÓRICO DA BUBALINOCULTURA NA REGIÃO NORTE DO BRASIL	14
2.2 RAÇAS EXÓTICAS DE BOVÍDEOS	17
2.2.1 Programa de conservação de recursos genéticos da EMBRAPA	18
2.3 PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO EM BÚFALOS	20
2.4 CONSERVAÇÃO DO CARABAO	22
2.4.1 Histórico e conservação da raça Carabao	22
2.4.2 Caracterização morfológica da raça Carabao	23
2.4.2.1 Padrão racial	23
2.4.3 Caracterização genética da raça Carabao	24
2.4.4 Caracterização fenotípica da raça Carabao	25
2.5 ESTUDO DE VARIABILIDADE GENÉTICA	25
2.5.1 Endogamia e parentesco	25
2.5.2 Análise de <i>pedigree</i>	27
3 MATERIAL E MÉTODOS	29
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
5 CONCLUSÕES	47
REFERÊNCIAS	48

1 INTRODUÇÃO

A população mundial de búfalos (*Bubalus bubalis*) estimada é de 174 milhões de cabeças (11% do rebanho bovino mundial) sendo que 96,94% desse efetivo encontram-se na Ásia; 2,25%, na África; 0,63%, na América; 0,18%, na Europa e 0,004% na Oceania (FAO, 2006, AMARAL et al., 2003, TONHATI, CANAES; LIMA, 2008).

Segundo dados da FAO, de 2005, o Brasil apresentava, em 2004, um rebanho bubalino de 1.200.700 cabeças, porém, os dados do Ministério da Agricultura (BRASIL, 2008) e do Censo agropecuário (IBGE, 2005), relativos ao mesmo ano, apresentam efetivo do rebanho bubalino de 1.349.000 cabeças, distribuído entre as cinco regiões do país nas seguintes quantidades/proporções: Norte - 722.299 (62,9%); Nordeste - 106.117 (9,2%); Sudeste - 104.449 (9,1%); Sul - 151.071 (13,2%) e Centro-Oeste - 64.872 (5,6%).

Oficialmente, a Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB) reconhece dos bubalinos introduzidos no Brasil, no final do século XIX, quatro raças: Carabao, Jafarabadi, Mediterrâneo e Murrah.

Cassiano et al. (2003) citaram que a raça Carabao e o búfalo tipo Baio (que não é considerado raça pela ABCB) estão em risco de extinção e descaracterização, sendo a conservação de ambos e os estudos populacionais de grande importância. No caso do Carabao, não se encontrou registros da aplicação de análise de *pedigree*, mesmo em sua região de origem (Ásia).

O conhecimento da composição e contribuição genética de cada linhagem, em cada população, além dos principais reprodutores presentes em cada uma delas, pode ser um auxílio importante para otimizar os acasalamentos, visando complementar características, aumentando os ganhos genéticos e mantendo a variabilidade, permitindo a implantação de programas de melhoramento genético da espécie (VOZZI, 2004).

Ao contrário do que ocorre com os bovinos, não existe um programa intenso de melhoramento genético em bubalinos e as iniciativas existentes, nesse sentido, estão associadas à tenacidade de poucos pesquisadores e criadores (ROSA et al., 2007).

Faz-se necessária, portanto, uma mudança, de visão, no que diz respeito ao gerenciamento entre as diversas classes de produtores, alicerçado num considerável aporte de informações, de todas as áreas do conhecimento da bubalinocultura, para que haja uma busca e utilização de técnicas adequadas, não só de manejo em geral, como de melhoramento

genético, o que permitindo a bubalinocultura da região a ocupar o lugar de geradora de tecnologia e produtos melhorados para todas as regiões do País.

Este trabalho objetiva estudar os registros genealógicos de animais da raça Carabao, provenientes das fazendas da Embrapa Amazônia Oriental do Baixo Amazonas e do Banco de Germoplasma Animal da Amazônia Oriental – BAGAM - Ilha de Marajó, para estimar parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene e os derivados dos níveis de endogamia para esses animais; indicar quais ancestrais são mais representativos, auxiliando na identificação de famílias ou linhagens dentro da raça e avaliar a variabilidade genética da população de matrizes ativas do rebanho, para assim, determinar parâmetros populacionais da raça Carabao por meio da análise de *pedigree*.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 HISTÓRICO DA BUBALINOCULTURA NA REGIÃO NORTE DO BRASIL

Algumas versões desconstruídas sobre a introdução desses animais no País. Por exemplo, Rosa et al. (2007) relatam que a introdução dos búfalos no país ocorreu no final do século XIX e, por volta de 1906, uma nova importação de búfalos de origem italiana e, ainda, de um casal de búfalos Carabao ou Rosilhos (*Bubalus bulalis* var. kerebao) para Ilha de Marajó.

Porém, a mais provável é que a introdução desses animais no Norte do Brasil tenha ocorrido em fevereiro de 1895, oriundos da Itália, originariamente da raça Mediterrâneo, importados pelo criador Vicente Chermont de Miranda, para a fazenda Dunas, município de Soure, na ilha de Marajó, estado do Pará. Os animais saíram do porto de Nantes, na França, em um navio denominado Brasileiro, e pertenciam ao conde italiano Camilo Bosfigliolli, de Roma (MARQUES et al., 2008).

Há, no país, a predominância de animais da espécie *Bubalus bulalis* var. *bubalis*, ou seja, as raças Mediterrâneo, Murrah e Jafarabadi. O detalhamento sobre a classificação zoológica dos bubalinos consta na TABELA 1.

TABELA 1- Classificação zoológica dos bubalinos.

	Classificação	Observação
REINO	Animalia	Animal
FILO	Chordata	Vertebrado
CLASSE	Mammalia	Mamífero
ORDEM	Artiodactyla	n° par de dedos
FAMÍLIA	Bovidae	Bovídeo
GÊNERO E ESPÉCIES		
<i>Bubalus</i>	<i>quarlesi</i> (<i>Anoa quarlesi</i>)	Búfalos anões – Indonésia
	<i>depressicorsis</i> (<i>Anoa d.</i>)	Búfalos anões – Indonésia
	<i>mindorensis</i> (<i>Anoa m.</i>)	Búfalos anões – Filipinas
	<i>Arnee</i>	Búfalos Arni – Índia e Nepal
	<i>bubalis</i> var. <i>bubalis</i>	Búfalos de rio (2n = 50) Subespécie <i>fluviatilis</i>
	<i>bubalis</i> var. <i>kerebao</i>	Búfalos de pântano (2n = 48) Subespécie <i>limneticus</i>

Fonte: ANIMALINFO (2009).

Em 1922, Miranda Ribeiro publicou o primeiro trabalho que relatava presença marcante dos búfalos na região Norte do país, intitulado: “Esboço Geral da Fauna Brasileira”, publicado pelo Ministério da Agricultura, resultado de sua viagem feita à Ilha de Marajó – PA, onde o búfalo “rosilho” era citado e classificado como pertencente à subespécie *B. bubalis* *kerebao* e já denotava o papel importante dessa raça na região ou para preparo do solo ou ainda como animal de tração (SANTIAGO, 1960).

Na década de cinquenta, o Instituto Agrônomo do Norte (IAN) introduziu pesquisas com búfalos no País. Em 1971, foi criado um núcleo de bubalinos na Universidade Estadual Paulista (UNESP) – Botucatu, que passou, também, a difundir a espécie no país. Nesse período, muitas Associações regionais, inclusive a pertencente à região Norte, foram formadas e se intensificaram as pesquisas nas áreas de nutrição e reprodução de bubalinos. Na década de 90, as Associações iniciaram uma série de ações integradas, com o objetivo de incrementar a produtividade leiteira dos rebanhos nacionais, por meio da identificação de animais de elevado potencial produtivo, multiplicação deste material genético por inseminação artificial e difusão de núcleos regionais de produtores (PROMEBUL, 2001).

Apesar do grande esforço das Associações e de alguns pesquisadores para melhorar a cadeia produtiva de leite, nos últimos 15 anos, no Brasil, não houve um processo intensivo de melhoramento genético de búfalos, como ocorreu com os bovinos, em razão da falta de organização por parte dos criadores; limitações biológicas (sazonalidade reprodutiva e menor percentagem de fertilização por inseminação artificial e problema na transferência de embriões) e limitações de infraestrutura para realização de registros de produção e inseminação artificial. Além disso, muitas vezes, há falta de um manejo reprodutivo, nutricional e sanitário adequado, aspectos associados à melhoria da qualidade do produto e produtividade dos rebanhos, que ainda, devem ser superados (BARBOSA, 2005).

A carência de informações sobre os índices zootécnicos e reprodutivos dos rebanhos bubalinos, no Estado do Pará, vem limitando a implantação de programas de melhoramento genético, impedindo um salto qualitativo significativo da atividade, colocando-a como importadora de genes, mesmo possuindo a hegemonia do efetivo nacional. Contribui para isso, também, a pouca ou quase nenhuma participação técnica no planejamento zootécnico das propriedades, abrindo lacunas no gerenciamento, redundando na falta de sêmen e animais melhoradores produzidos nos ambientes amazônicos, gerando dependência de outros mercados sem conhecimento da idoneidade do material genético e ameaçando o crescimento qualitativo da pecuária bubalina regional (MARCONDES et al., 2007).

A pecuária bubalina em outras regiões do país vem sendo praticada com excelente desempenho, onde os produtos diferenciados são o ponto alto da exploração. No Pará, apenas algumas propriedades já mostram essa tecnificação na criação, utilizando sistemas integrados de terra firme com as áreas naturais, destacando-se os rebanhos das raças Mediterrâneo, Murrah e Jafarabadi (*Bubalus bubalis* bubalis), seguindo-se da Carabao (*Bubalus bubalis* kerebao), além do tipo Baio. O sistema de criação semi-intensivo está em franco desenvolvimento nas áreas de pastagem cultivadas, onde os animais são de melhor padrão genético, embora, em todo o contexto, o agronegócio búfalo necessite de animais melhoradores (MARCONDES et al., 2008).

Considerando-se, ainda, a tendência mundial em relação aos padrões de produção e consumo sustentáveis, o búfalo caracteriza-se muito bem como opção viável para produção de carne e leite de qualidade, em áreas locais já alteradas. É inegável a importância do búfalo para a Amazônia, em especial nas áreas alagadiças, onde nenhuma outra espécie doméstica encontra-se tão bem adaptada, gerando receita a partir do consumo de pastagens de médio a baixo valor nutricional e agregando valor aos produtos, mesmo em condições supostamente

inóspitas (MARQUES, 1998, TONHATI et al., 1998, VASCONCELLOS; TONHATI, 1998, TRIVINI et al., 2001; ROSATI; VAN VLECK, 2002).

Na região Norte, as características produtivas, reprodutivas, técnicas de manejo e criação, valor econômico e melhoramento genético dos bubalinos vêm sendo estudadas por diversos autores, entre eles Barbosa et al. (2006) e Albuquerque et al. (2005).

2.2 RAÇAS EXÓTICAS DE BOVÍDEOS

A evolução dos animais domésticos tem sido moldada pelo homem ao longo das gerações, bem como, a expansão das espécies seguiram a rota migratória e o estabelecimento do ser humano nas mais diversas regiões. Assim sendo, quando a América foi colonizada, as raças Ibéricas foram trazidas pelos portugueses e espanhóis que evoluíram, ao longo dos séculos, adaptando-se às condições sanitárias, de clima e manejo, encontrados nos mais diferentes *habitats*, dando origem às raças naturalizadas brasileiras, também denominadas de *locais* ou num termo mais genérico *crioulas* (EGITO, MARIANTE; ALBUQUERQUE, 2002).

O Brasil possui diversas raças de animais domésticos que se desenvolveram a partir dos animais introduzidos pelos colonizadores. Durante os últimos cinco séculos se adaptaram às condições encontradas nas diversas regiões do País, onde foram criadas, adquirindo características únicas, como: rusticidade, prolificidade e, provavelmente, resistência à endo e ectoparasitas e/ou doenças encontradas nas mais distintas regiões brasileiras. Raças exóticas foram introduzidas no País, especialmente até a década de 60, como é o caso do Carabao e dos Zebuínos.

A maioria das raças, por cruzamentos absorventes ou por substituição, deu lugar a outras mais produtivas e melhoradas geneticamente, contribuindo com a redução apreciável das populações de animais nativos. A longa relação de raças extintas, ou em extinção, não significa, na maioria dos casos, a existência de genes capazes de melhorar as raças ditas modernas. Preservá-las é a única alternativa para avaliar a possível contribuição genética destas nos programas atuais de melhoramento genético (PEREIRA, 2008).

Com o auxílio de várias organizações e de diversos países, entre os quais o Brasil, em 1991, a FAO iniciou um levantamento mundial sobre a situação das principais espécies de animais domésticos. Desde então, programas mundiais de conservação têm sido

desenvolvidos devido à preocupação com a perda da diversidade genética causada pela extinção de raças e populações. A diversidade genética dentro das espécies domésticas está refletida na variedade de tipos e raças que existem e na variação presente dentro de cada uma, sendo que, a perda de um único tipo ou raça compromete o acesso a seus genes e combinações genéticas únicas que podem ser úteis na agricultura do futuro (EGITO, MARIANTE; ALBUQUERQUE, 2002).

No mesmo trabalho, os autores citaram que o estudo aprofundado dessas espécies, onde a raça Carabao, com uma população reduzida no País, encontra-se em risco de extinção, faz parte e poderá auxiliar no desenvolvimento e acompanhamento racional de futuros programas de melhoramento animal, bem como, na preservação e conservação do germoplasma.

2.2.1 Programa de conservação de recursos genéticos da EMBRAPA

O Programa de Conservação de Recursos Genéticos Animais do Brasil, de responsabilidade do Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia, da Embrapa, teve início em 1981, com a finalidade de conservar raças de animais domésticos ameaçadas de extinção. Esse programa inclui a identificação de populações ameaçadas, a caracterização morfológica, morfométrica e molecular, assim como a avaliação do potencial produtivo e reprodutivo das mesmas. Os principais métodos de conservação dos recursos genéticos animais são a manutenção de populações em sistemas de manejo adequados (conservação *in situ*), criopreservação de sêmen e embriões (conservação *ex situ*) e manutenção de bancos de DNA (MARIANTE et al., 1999).

A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) incluiu, em 1983, no seu Programa de Conservação de Recursos Genéticos, que até então contemplava apenas a conservação de plantas, a conservação dos recursos genéticos animais. Neste Programa, a conservação é realizada por diversos Centros de Pesquisa da EMBRAPA, Universidades, Empresas Estaduais de Pesquisa, assim como por criadores particulares, sendo esta rede coordenada pelo Centro Nacional de Pesquisa de Recursos Genéticos e Biotecnologia - CENARGEN (EGITO, MARIANTE; ALBUQUERQUE, 2002).

Essa conservação vem sendo realizada por meio dos Núcleos de Conservação, mantidos no *habitat* onde os animais se desenvolveram e foram submetidos à seleção natural

(*in situ*) e mediante o armazenamento de sêmen e embriões (*ex situ*). Deste modo, existem vários Núcleos de Conservação distribuídos por todo o País (FIGURA 1) estando organizados na forma de projetos de pesquisa, na sua maioria, sob a responsabilidade dos Centros de Pesquisa localizados próximos aos mesmos.

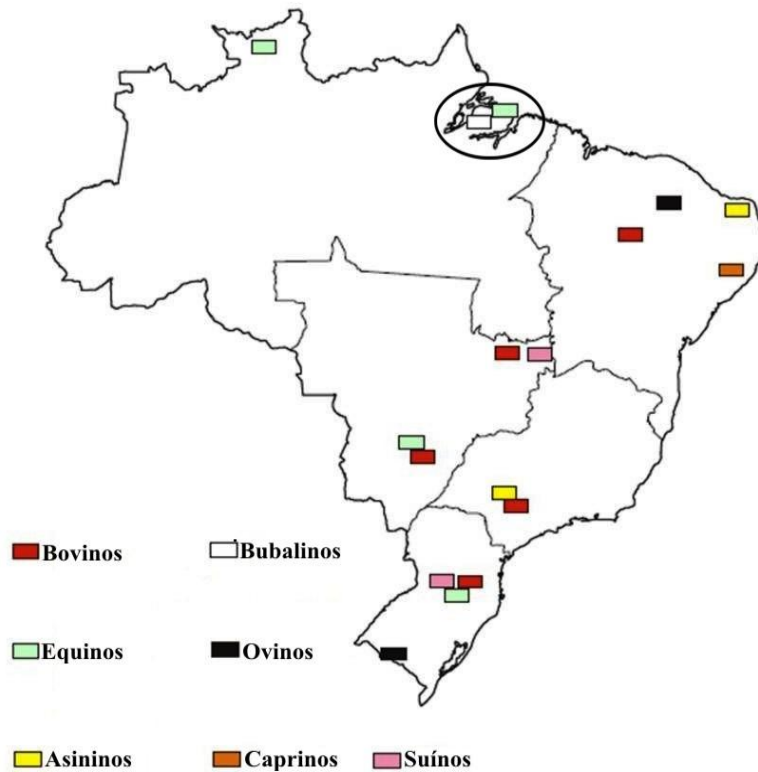


FIGURA 1 Mapa ilustrativo do Brasil mostrando a localização das diferentes espécies e raças consideradas em perigo de extinção.

Fonte: EGITO, MARIANTE; ALBUQUERQUE, (2002).

Uma das demandas da conservação de recursos genéticos é o aumento do volume de informações sobre as populações que estão ameaçadas, o que reforça a necessidade de fazer a caracterização genética das mesmas. Em genética, tanto do ponto de vista do melhoramento como da conservação, o principal objetivo é estudar, determinar e medir a variação existente, entre e dentro dos indivíduos de uma população (ARANGUREN-MÉNDEZ et al., 2005; MARQUES et al., 2008).

No Banco de DNA do Laboratório de Genética Animal (LGA), segundo Egito et al. (2005), há 5769 amostras, sendo estas de onze raças ovinas (1360 amostras), doze raças eqüinas (692 amostras), quatro raças caprinas (700 amostras), cinco bubalinas (418 amostras), três asininas (166 amostras) e dezesseis bovinas (2433 amostras) (FIGURA 2).

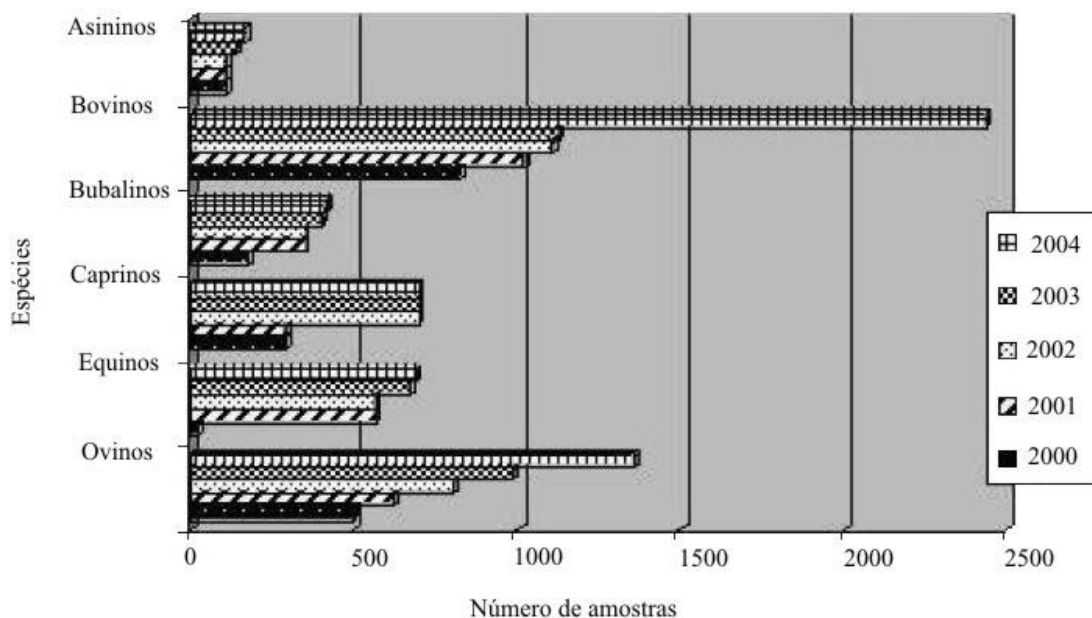


FIGURA 2 Evolução do Banco de DNA ao longo dos anos.

Fonte: EGITO et al. (2005).

2.3 PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO EM BÚFALOS

Ao longo do tempo, o búfalo vem sendo criado, no Brasil, sem um programa intenso de melhoramento genético. Na década de sessenta, foi implantado, no antigo IAN, IPEAN, CPATU, hoje EMBRAPA Amazônia Oriental, um trabalho que visava o melhoramento genético das raças Murrah e Mediterrâneo, com base no cruzamento absorvente da raça Murrah em fêmeas Mediterrâneo (MARQUES, 1984). Esse trabalho perdurou por três décadas, servindo de base para os atuais trabalhos sobre o tema. Iniciativas isoladas foram tomadas na década de 50, como mencionam Villares et al. (1979). Segundo esses autores, em 1958, foram iniciadas as provas de ganho de peso na Estação Experimental de Criação de Sertãozinho. Mais tarde, ainda de acordo com esses autores, outras centrais de prova foram sendo estruturadas.

No final dos anos 70, Villares et al. (1979) fizeram uma avaliação global dessas provas e observaram ganhos médios de peso iguais a 144,4; 148,1 e 123,6 kg para as raças Mediterrâneo, Jafarabadi e Murrah, respectivamente, em 140 dias de confinamento. Até a década de 80, essas foram as ações para identificação e seleção de búfalos de corte.

Até a década de 80, as avaliações e a seleção em rebanhos leiteiros vinham sendo feitas, de acordo com PROMEBUL (2001), baseadas na produção de leite. Após essa data,

iniciaram-se as seleções com base na capacidade mais provável de produção das búfalas, avaliações essas que, em alguns casos isolados, evoluíram para o uso de modelos mistos com estimativas de BLUP e, mais recentemente, utilizando-se modelo de touro e modelo animal.

Todavia, apesar de inexistirem programas bem estruturados, envolvendo grandes populações de animais dessa espécie, o que possibilitaria a evolução mais rápida e maiores progressos genéticos, quer seja para leite, quer seja para carne, alguns trabalhos, como o que vem sendo conduzido na Fazenda Panorama, município de Camaquã, RS, indicam a possibilidade de se promover melhorias nos rebanhos brasileiros. Nessa propriedade, vem sendo conduzido teste de progênie desde 1990 e tem-se conseguido reduções na idade de abate dos animais, a qual passou de 24 meses, em 1989, para 19 meses, em 1992 (PROMEBUL, 2001).

Cruzamentos, também, têm sido adotados como forma de se promover melhoria do desempenho, como pode ser observado pelos resultados de Marques (1991) que, avaliando os parâmetros genéticos de características do leite, obteve estimativas de herdabilidade para diversas características produtivas e reprodutivas, entre as quais, podem ser citados os valores de 0,25, para Intervalo de partos; 0,39, para Período de serviço; 0,30, para Produção de leite e 0,41, para Peso à desmama (PROMEBUL, 2001).

No ano de 2004 foi lançado o segundo Sumário de Touros Bubalinos para produção de carne e leite, com base em 11.883 lactações e 7.808 controles de peso (RAMOS et al., 2004). Comparando-se com apenas dois dos programas de melhoramento desenvolvidos no país para a raça Nelore (EMBRAPA-ABCZ, 2006, LÔBO et al., 2006), onde cerca de 1.846.663 e 874.624 animais participaram da matriz de parentesco, naquele ano percebeu-se que muito ainda teria que ser feito na espécie para se conseguir parâmetros e avaliações genéticas consistentes.

Em 2005, o Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA) e a ABCB implementaram o “Programa de Melhoramento Genético de Búfalos Leiteiros no Brasil”, nos moldes do teste de progênie da raça Gir, com os seguintes propósitos: avaliar e selecionar genótipos superiores, mediante estruturação e execução de um programa, utilizando teste de progênie; disponibilizar avaliação genética nacional de touros e vacas de modo a permitir a eleição de machos jovens para serem testados e fomentar práticas gerais de manejo e pesquisas aplicadas em genética e melhoramento animal (TONHATI et al., 2006).

Apesar de outras tentativas de implantação de um programa de melhoramento genético na Região Norte (MARQUES, SOUZA, 1999), em meados do ano de 2006, foi estabelecido a parceria entre a APCB – Associação Paraense de Criadores de Búfalos, EMBRAPA e UFRA

– Universidade Federal Rural da Amazônia para a formatação de um programa de melhoramento regional, que contemplasse os caracteres produtivos relacionados à produção de carne e leite, dado o foco da dupla-aptidão exigido pelo mercado. Foram visitadas fazendas entorno de Belém, realizado o diagnóstico inicial por meio de questionário e iniciados os Controle Leiteiros e demais mensurações, em junho de 2007 (MARCONDES et al., 2007). O programa encontra-se em andamento, sendo incluído em contexto mais amplo, envolvendo outros Estados como Rondônia, Bahia e Rio Grande do Sul, dentro da carteira de projetos da EMBRAPA.

2.4 CONSERVAÇÃO DO CARABAO

2.4.1 Histórico e conservação da raça Carabao

Marques et al. (2008) relatam que a entrada da raça Carabao no País ocorreu realmente no início do século XX, mas não através de importações, pois relatos históricos narram outras versões. Uma delas conta que detentos de um presídio de segurança máxima da Guiana Francesa, denominado Ilha do Diabo, fugiam dali em barcaças, trazendo esses animais até atingirem a costa Norte do País, no arquipélago de Marajó, onde os trocavam por comida, com os fazendeiros locais. A outra versão suporta o mesmo argumento, acrescentando que as barcaças se destroçavam contra as pedras da costa da ilha, com os animais fugindo e se embrenhando nas matas e pântanos, onde se adaptaram e se reproduziram, aumentando consideravelmente o rebanho. Tais relatos ganham força, pois não se conhece registro de entradas oficiais desta raça no País, na época.

Esses autores afirmam que a primeira ação de conservação desses rebanhos foi isolá-los reprodutivamente de outros animais da mesma espécie, evitando-se acasalamentos indesejáveis. Isso aconteceu em 1996 quando foram transferidos da região do Baixo Amazonas Paraense (município de Monte Alegre – PA), para o BAGAM - Ilha de Marajó, no CEMES, que apresentava condições de instalações, manejo e isolamento reprodutivo.

Segundo Marques et al. (2003), o rebanho em conservação, BAGAM, que fica no CEMES- Campo Experimental do Marajó “Emerson Salimos”, é, provavelmente, um dos únicos puros do País, ou seja, com quase a totalidade dos animais com cariótipo $2n=48$

cromossomos. No entanto, devido ao reduzido número do rebanho fundador e aos cruzamentos a que foram submetidos no passado, esse material genético encontra-se ameaçado de extinção (EGITO et al., 2006).

Entre as diferentes espécies conservadas no Brasil, tem-se a bubalina, com dois grupamentos ameaçados: a raça Carabao e o grupo genético denominado tipo Baio. Núcleos de conservação formados por esses dois rebanhos vêm sendo mantidos pela Embrapa Amazônia Oriental, no BAGAM, na Ilha de Marajó, no Pará.

2.4.2 Caracterização morfológica da raça Carabao (ANDRADE E GARCIA, 2005)

Origem: O búfalo Carabao ou "Rosilho" é originário da Indochina, no Sudoeste da Ásia, mais precisamente na Malásia, Tailândia, Indonésia, Filipinas e Sri Lanka, onde é chamado o "trator do Oriente". É a raça mais adaptada às regiões alagadas e pantanosas e, por isto, apresenta pelagem mais clara.

Aptidões: Devido à rusticidade, bom desenvolvimento de massa muscular e membros fortes, a raça Carabao é usada para corte e para trabalho, tanto de tração agrícola quanto de transporte de carga e de sela.

Temperamento: manso e dócil.

2.4.2.1 Padrão racial (ANDRADE E GARCIA, 2005)

Peso: médio ao nascer de 35 kg; fêmeas adultas, de 500 a 600 kg; machos adultos, de 750 a 800 kg.

Altura: média de 132 cm nas fêmeas e 140 cm nos machos. Porte médio a grande.

Pelagem e pele: cinza escura ou rosilha, sendo portadores de manchas de tonalidade clara ou branca nas patas, no pescoço logo abaixo da mandíbula e próximas ao peito em forma de listras circulares e paralelas, além de tufos claros nas arcadas orbitárias superiores, nas comissuras labiais e no ventre.

Cabeça: relativamente pequena, com perfil craniano e chanfro retilíneos. Chifres longos, grandes e fortes, de seção triangular, emergindo lateralmente da cabeça e dirigindo-se em

posição horizontal para fora e depois para trás e para cima. Olhos arredondados, grandes, projetados, vivos, límpidos e pretos. Orelhas tamanho médio, horizontais e, em geral, cobertas de pelos longos e claros.

Corpo: musculoso e um tanto cilíndrico, sem depressões, simétrico e equilibrado. Conformação e tipo para corte. Aprumos normais, com cascos fortes e bem conformados. Aparência normal quanto ao tamanho e forma da bolsa escrotal e vulva, além do número de testículos e tetas, não se computando as tetas extranumerárias.

Membros: vigorosos, relativamente leves e corretamente aprumados.

2.4.3 Caracterização genética da raça Carabao

Apresenta cariótipo $2n= 48$ cromossomos diferindo das demais raças de búfalos domésticos (búfalos de rio) que possuem o cariótipo $2n= 50$ cromossomos. Os animais resultantes do acasalamento entre essas subespécies, apresentam cariótipo $2n= 49$ cromossomos o que confere à essa descendência baixas taxas de fertilidade (EGITO et al., 2006).

Em um ensaio preliminar, Albuquerque et al. (2000), mostraram por meio de 33 marcadores moleculares RAPD que, dos grupos Baio, Carabao, Mediterrâneo e Murrah estudados, o Carabao apresentou maior divergência genética dos demais, sugerindo que esta possa ser realmente considerada uma subespécie diferente.

Em outro trabalho, Albuquerque (2005), estudando a variabilidade genética e analisando os componentes principais de búfalos Baio, Carabao, Mediterrâneo e Murrah, mostrou que os grupos Baio e Carabao estão distantes entre si, bem como, dos demais grupos. Estes resultados reforçam a necessidade de conservação dos mesmos, como fonte alternativa de variação genética.

Um trabalho complementar foi realizado com 98 marcadores RAPD e com a inclusão da raça Jafarabadi (ALBUQUERQUE et al., 2006), sendo resultados para a divergência entre os pares os seguintes: Baio e Carabao (26,5%); Baio e Mediterrâneo (30,9%); Baio e Murrah (20,4%) e Baio e Jafarabadi (19,8%); Carabao e Mediterrâneo (40,2%), Carabao e Murrah (26,0%); Carabao e Jafarabadi (27,3%). Embora todos os valores sinalizem uma divergência genética alta ($P= 0,000001$), os índices mais elevados ocorreram quando cada um dos grupos

foi confrontado com o grupo Carabao, evidenciando, mais uma vez, o fato deste pertencer a subespécie distinta.

2.4.4 Caracterização fenotípica da raça Carabao

Cardoso (1997) apresentou dados de eficiência reprodutiva do Carabao, com média de 95,91%.

Marques et al. (2008) mostram os resultados obtidos da caracterização fenotípica do Carabao em conservação no BAGAM- Ilha de Marajó. Os índices de desempenho produtivo foram: peso ao nascer (kg) 31,29 ($\pm 2,31$); peso da fêmea adulta (kg) 512,08 ($\pm 67,61$); idade à primeira cria (meses) 38,10 ($\pm 2,24$); intervalo de partos (dias) 396,54 ($\pm 29,30$); período de serviço (dias) 86,54 ($\pm 29,30$); vida útil (anos) 10,35 ($\pm 3,76$).

2.5 ESTUDO DE VARIABILIDADE GENÉTICA

Pode seguir por dois caminhos:

- Determinação do coeficiente médio de endogamia (F) e tamanho efetivo da população (N_e) ou,
- Estudo de *pedigree*.

2.5.1 Endogamia e parentesco

A endogamia ou consanguinidade é um sistema de acasalamento que consiste na união de indivíduos com certo grau de parentesco. O termo endogamia é usado tanto para animais como para vegetais, embora a consanguinidade seja de uso mais consagrado, quanto aos primeiros. A consanguinidade é um conceito restrito a uma população ou a um grupo de animais (PEREIRA, 2008).

Um indivíduo consanguíneo é aquele resultante de pais iguais ou que são parentes. O fato de os pais de um indivíduo serem geneticamente semelhantes aumenta a probabilidade de que ele receba de seus pais genes idênticos que representam cópias de um mesmo gene presente em um ancestral comum (VOZZI, 2004, PEREIRA, 2008).

A consanguinidade pode ser vista sob diferentes aspectos, sendo classificada segundo Pereira (2008), quanto ao parentesco entre os indivíduos que se acasalam, em estreita: quando o grau de parentesco entre os pais é igual ou superior a 50%, acasalamentos de pai x filha, mãe x filho, entre irmãos completos, etc e larga: quando o grau de parentesco entre pais é menor que 50%, acasalamentos: meio – irmãos, entre primos, tio e sobrinha, etc. É classificada, também, quanto à situação dos reprodutores na genealogia do animal, podendo ser direta (quando reprodutores se encontram em linha reta no *pedigree*, isto é, um deles é ancestral comum – *linebreeding*), e colateral ou indireta (quando os reprodutores se encontram em duas linhas que partem do ancestral comum).

Para Muir (2000) e Carneiro et al. (2006), o primeiro impacto da endogamia é a perda de alelos atribuída à deriva genética. Estes relatam que, entre os principais fatores que influem na resposta à seleção, além do tamanho efetivo da população, estão a acurácia e a intensidade de seleção. Frequentemente, estudos indicam que a resposta ótima à seleção pode ser obtida maximizando-se estes fatores. Entretanto, nem todos os fatores podem ser maximizados simultaneamente. O aumento na intensidade de seleção, por exemplo, provoca decréscimo no tamanho efetivo da população e, conseqüentemente, na resposta à seleção. Da mesma forma, o aumento na acurácia da seleção pelo uso de índices de família ou BLUP também reduz o tamanho efetivo da população, ocasionando aumento mais rápido na taxa de endogamia.

Pereira (2008) destaca como efeito principal da consanguinidade o aumento da homozigose no rebanho e, em consequência, redução da heterozigose, sendo este efeito tanto maior quanto maior for o parentesco entre os indivíduos que se acasalam. Carneiro et al. (2006) citam, ainda, o favorecimento da identificação de genes recessivos indesejáveis ou de efeitos deletérios. A maioria destes genes está relacionada com a baixa fertilidade, alta mortalidade, redução do vigor e do valor adaptativo dos animais. Estes efeitos dependem da intensidade da consanguinidade e as diferentes características. Raça, sexo e linhagem também são fontes de variação importantes nos efeitos da consanguinidade.

As principais vantagens da endogamia seriam: o aumento da homozigose, permitindo fixar e retirar o tipo desejado; seleção mais eficiente pela separação da população em famílias diferentes, facilitando a eliminação das piores, além de formar linhagens consanguíneas

distintas que quando acasaladas entre si contribuem para aumentar a heterose em características econômicas (PEREIRA, 2008).

2.5.2 Análise de *pedigree*

Os animais domésticos têm profundas relações com a produção de alimentos à humanidade, bem como com as sociedades humanas. Estima-se a existência de 3000 raças e variedades das sete maiores espécies de mamíferos, como bovinos, suínos, ovinos, caprinos, equinos, asininos e bubalinos (HALL; RUANE, 1993). No entanto, boa parte destas espécies encontra-se em risco, isto é, apresentam menos de 1000 fêmeas ativas ou menos que 20 machos em reprodução (SCHERF, 2000).

Essa situação faz com que cada dia, mais geneticistas sejam confrontados, com vários problemas em populações, principalmente de raças naturais como, por exemplo, a alta endogamia e a perda do valor econômico dos animais (DUNNER et al., 1998).

Segundo Vozzi (2004), um alelo autossômico amostrado aleatoriamente de qualquer indivíduo tem 50% de probabilidade de ter sido herdado de seu pai ou mãe e 25% de probabilidade de ter sido herdado de qualquer de seus quatro avós. Por meio dessa regra pode-se tratar o *pedigree* de qualquer indivíduo e estimar a probabilidade de origem deste alelo de qualquer um de seus antepassados. E esta aplicação torna-se de grande utilidade em rebanhos de conservação genética.

A manutenção da diversidade genética é um dos objetivos primários do manejo de populações em conservação, bem como a definição adequada do sistema de acasalamento. No entanto, ainda não há consenso de qual método – acasalamentos ao acaso, acasalamento circular ou acasalamento de dissemelhantes ou não-aparentados – deva ser empregado, exceto os acasalamentos endogâmicos com meio-irmãos ou mais próximos (CABALLERO; TORO, 2000).

Alguns sistemas de acasalamento têm sido propostos para populações sob seleção: fatoriais (WOOLLIAMS, 1989), onde somente famílias de meio-irmãos, e poucas ou nenhuma família de irmãos-completos são formadas na geração posterior e acasalamentos compensatórios (SANTIAGO; CABALLERO, 1995), nos quais indivíduos de famílias numerosas são acasalados com indivíduos de famílias menores. Ballou e Lacy (1995) alertaram, no entanto, que o último método não deveria ser empregado em populações não

selecionadas, pois haveria a mistura indesejada de alelos raros e alelos comuns. O ideal, segundo Caballero e Toro (2000), seria que os reprodutores tivessem proporções semelhantes dos fundadores em seus genomas, permitindo a equalização das contribuições e evitando a perda dos alelos raros.

Em populações pequenas a variação genética geralmente é avaliada por meio da taxa de endogamia, tendo este parâmetro alta sensibilidade à qualidade do *pedigree*, bem como sua aplicação em rebanhos que não estejam fechados (GOYACHE et al., 2003).

As probabilidades de origem do gene, previamente utilizadas em populações selvagens (BOICHARD, Maignel e VARRIER. 1997) têm sido aplicadas para avaliar a variação genética nos animais domésticos, detectando alterações significativas antes do aumento da endogamia (VILLASMIL-ONTIVEROS et al., 2008).

Os estudos de *pedigree* têm sido desenvolvidos em várias espécies e raças podendo citar exemplo em bovinos (FARIA et al., 2001a, FARIA et al., 2001b, HONDA et al., 2006, VOZZI et al., 2007, VILLASMIL-ONTIVEROS et al., 2008), eqüinos (GLAZEWSKA; JEZIERSKI, 2004, VALERA et al., 2005; COSTA et al., 2005; CECCHI et al., 2006; SABBIONI et al., 2007), bubalinos (MALHADO et al., 2008, MARCONDES et al., 2008), ovinos (GOYACHE et al., 2003, HUBY et al., 2003), caprinos (BARROS, 2009), caninos (COLE; FRANKE; LEIGHTON, 2004, LEROY et al., 2006) e em suínos (TORO, et al., 2000).

3 MATERIAL E MÉTODOS

Foram utilizados registros de nascimento, de animais da raça Carabao do período de maio de 1976 a setembro de 2008. As informações referentes ao período de 1976 a 1996 são do Campo Experimental do Baixo Amazonas – CEBA (EMBRAPA – CPATU), localizado à margem esquerda do Rio Amazonas, município de Monte Alegre - Pará, cujas coordenadas são 2° 00' 30" de latitude sul e 54° 04' 13" de longitude W. Gr, com uma altitude de 30m. Os animais eram criados sob regime extensivo, num sistema de conservação “*in situ*”, obedecendo a um modelo físico de sistema de produção, onde as principais práticas de manejo sanitário e zootécnico eram observadas.

O tipo climático é caracterizado como *Ami*, ou seja, tropical chuvoso, com pequeno período seco. A temperatura média anual é de 26,6°C, com variação de 22,6 a 31,2°C. A umidade relativa do ar é em média 84% e a precipitação pluviométrica anual gira em torno de 2.100 mm. A insolação anual total é de 2.091,5 horas.

As principais unidades de relevo são as planícies e baixos planaltos amazônicos. Os solos da região pertencem aos grupos Gleis Húmicos Orgânicos e Meio Orgânicos. A alimentação constava majoritariamente de pastagens nativas de várzea, com predominância dos gêneros *Panicum*, *Echinochloa*, *Luziola*, *Oriza*, *Paspalum*, *Leersia* e *Hymenachne*.

Em junho de 1996 esses animais foram remanejados para o CEMES, em Salvaterra, na Ilha de Marajó, Estado do Pará, onde foi implantado o BAGAM.

O BAGAM está localizado, de acordo com as coordenadas 48° 30' e 54" de longitude W e 00° 45' e 21" de latitude S, na Mesorregião geográfica (12) Marajó, à margem direita do rio Paracauari, distando por via terrestre cerca de 17 km da cidade de Salvaterra - Pará. Encontra-se numa distância, em linha reta, cerca de, 85 km de Belém, podendo ser atingido por via fluvial, rodo-fluvial e aérea (neste caso, em aviões de pequeno porte). O clima do local é do tipo *Ami*, com temperatura média anual de 27 ° C e precipitação pluviométrica anual de 2.943 mm. Os solos predominantes são hidromórficos, principalmente Lateritas, de baixa fertilidade, e Gleis Húmicos, de boa fertilidade, este sujeito à deposição de sedimentos pelas águas barrentas do rio Amazonas. A vegetação nos campos é composta de pastagens nativas. As florestas são álicas e concentradas nas margens dos rios. Há pequenas áreas de pastagens cultivadas com quicuío-da-amazônia (*Brachiaria humidicola*) e canarana erecta lisa (*Echinochloa pyramidalis*), além de capineiras de capim elefante cv. Cameron. A área total do CEMES/BAGAM é de 2.128,4 ha.

O sistema de criação utilizado é o extensivo, seguindo o sistema de conservação utilizado na fazenda CEBA.

O arquivo de dados foi formatado em planilhas do *software* EXCEL, presentes no pacote Office 2007, contendo as colunas: Rebanho, Número do Animal, Nome do Animal, Sexo, Data de Nascimento, Nome da Mãe, Número da Mãe, Rebanho da Mãe, Nome do Pai e Número do Pai. Acrescentou-se o Rebanho da Mãe como forma de evitar a renumeração de todos os animais do arquivo de maneira incorreta, pois as numerações empregadas no CEBA e no BAGAM eram diferentes, não-contínuas. Procedeu-se à renumeração prévia dos animais.

Os parâmetros baseados na probabilidade de origem de gene, o coeficiente de endogamia, parentesco e o intervalo médio entre gerações foram calculados pelo *software* PEDIG® (BOICHARD, 2002), o qual apresenta programas em Fortran para o cálculo dos diferentes parâmetros. As análises foram realizadas em parceria com a Associação Nacional de Criadores e Pesquisadores (ANCP), a qual dispõe da liberação do uso dos programas para fins científicos.

O número efetivo de fundadores (N_{fun}), o qual indica o número de animais fundadores com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada, foi obtido como definido em Lacy (1989) por meio do *software* PROB_ORIG.exe presente no pacote PEDIG®.

O número efetivo de genomas remanescentes (N_g), que representa o número de fundadores que não teria perda de alelos fundadores e que produziria a mesma diversidade genética da encontrada na população estudada, foi computado como definido em Boichard, Maignel e Varrier. (1997), sendo o *software* SEGREG.exe utilizado para seu cálculo.

A determinação do número efetivo de ancestrais (N_a), o qual determina o número mínimo de ancestrais (fundadores ou não) necessários para explicar a completa diversidade genética na população sob estudo, foi obtido computando a contribuição marginal de cada ancestral como definido em Boichard, Maignel e Varrier, (1997).

O N_a pode ser um indicativo além da diversidade genética presente em uma população, do manejo reprodutivo predominante em uma determinada produção. O N_a e o intervalo de gerações foram calculados pelo *software* PROB_ORIG.exe.

O cálculo para determinação do aumento ou redução do número de reprodutores entre períodos foi dada pela razão de N_{Fun}/N_a , e o indicativo do processo de deriva genética, que quantifica a perda de alelos fundadores entre gerações, foi dada pela razão de N_g/N_{fun} .

Para determinar a qualidade do arquivo de *pedigree*, foi feito o cálculo de número médio de ancestrais e número equivalente de gerações segundo Vozzi (2004).

O coeficiente de endogamia será obtido por meio do algoritmo de Vanraden (1992) e o tamanho efetivo da população [2] por meio da fórmula proposta por Falconer e Mackay (1996):

$$[1] \Delta F = F_n - F_{n-1} / 1 - F_{n-1}$$

Onde: ΔF é o aumento da endogamia por geração, F_n é o coeficiente médio de endogamia estimado na geração atual e F_{n-1} o coeficiente médio de endogamia estimado na geração anterior.

$$[2] N_e = 1/2 \Delta F$$

Os resultados foram tabulados na forma de tabelas e gráficos do *software* EXCEL, presentes no pacote Office 2007.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

O arquivo de genealogia utilizado no trabalho constou de 445 informações de parentesco, relacionadas a 87 animais nascidos no CEBA e 358 animais nascidos no BAGAM, nas quatro últimas décadas (FIGURA 3), filhos de 131 mães e cinco pais diferentes, com média de filhos/mãe de 2,7, variando de 1 a 9 progênes. O número médio de progênie por fêmea com contribuição importante foi de apenas cinco filhos.

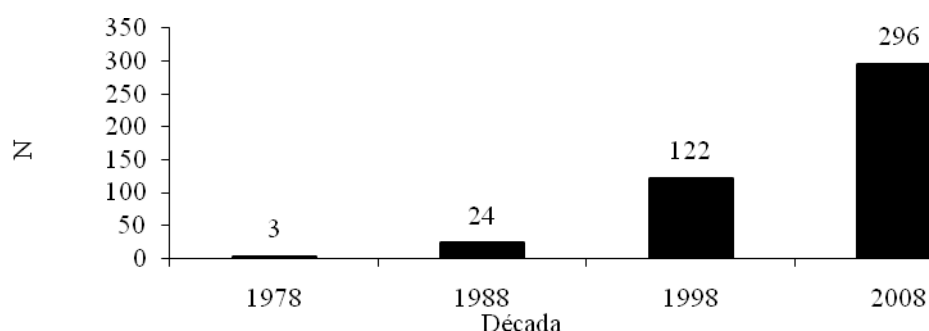


FIGURA 3 Número de animais Carabao no arquivo genealógico da Embrapa Amazônia Oriental.

Vale ressaltar, para melhor entendimento destes aspectos, que o Carabao brasileiro é considerado uma raça naturalizada no país, significando que, após pouco mais de um século de introdução adquiriu características próprias, diferindo da raça Carabao ainda existente no Sudeste asiático, que não se constitui em grupo ameaçado, diferentemente do que ocorre com o rebanho do Brasil e que hoje deve apresentar diferenças no seu genoma, constituindo-se um grupo com características próprias, sendo um germoplasma do Brasil a ser conservado, devido à pequena população existente (MARQUES et al. 2008).

Com isso, ao longo das últimas décadas, além do aumento no número de animais, houve também melhoria no controle zootécnico do rebanho, acontecimentos ocorridos simultaneamente, que influenciaram diretamente no número de animais acompanhados (TABELA 2), possibilitando a análise de *pedigree*.

TABELA 2- Número de pais e mães conhecidos ou não, por período de nascimento dos animais Carabao.

Período	N	Pais conhecidos	Mães conhecidas	Desconhecidos
maio/1976 a maio/1996	87	0	0	174
junho/1996 a outubro/1998	62	2	50	0
abril/1999 a setembro/2008	296	4	107	2

N = número de animais nascidos.

De acordo com Faria et al. (2001a), a queda anual no número de fêmeas registradas refletiu na diminuição do tamanho efetivo do rebanho, mostrando o comprometimento do desenvolvimento futuro da raça Gir Mocho no Brasil, assim como o resultado do Carabao.

Segundo Gutierrez et al. (2003), o atraso nos registros de fêmeas da raça bovina espanhola Morucha foi determinante para o menor número efetivo de bezerros calculado, quando comparado a outras seis raças avaliadas da região.

Estudos como de Valera et al. (2005) com equinos, Sorensen, Sorensen e Berg (2005) e Parland et al. (2007) com bovinos, também reforçam a importância da genealogia em estudos de diversidade genética e qualidade do *pedigree*.

Bozzi et al. (2006), comparando populações de três raças de bovinos leiteiros na França, encontraram baixos valores nos parâmetros populacionais em um dos rebanhos e relacionaram ao menor volume de dados.

Hammami et al. (2007) avaliando a diversidade genética entre duas populações de bovinos da raça Holandesa de diferentes localidades, Tunísia e Luxemburgo, mostraram que o coeficiente médio de endogamia na população de Luxemburgo foi mais baixo, sendo esta detentora de maior volume de dados genealógicos, portanto permitindo um maior controle na escolha de reprodutores.

No Brasil, Poggian (2008), estudando a variabilidade genética e a endogamia em bovinos da raça Guzerá leiteira, encontrou valores baixos para coeficiente de endogamia tanto da população, como de machos e de fêmeas, 0,0088; 0,0089 e 0,0087 respectivamente, atrelando esse fato ao aumento de registros dos animais e melhor organização dos dados genealógicos ao longo dos anos.

A informatização e o maior controle da base de dados seriam importantes para esse estudo já que uma genealogia completa, com dados de todos os parentes em várias gerações, em estudos populacionais e implantação de programas de melhoramento genético são

sensíveis a qualidade do *pedigree*, principalmente. os relacionados à endogamia e tamanho efetivo da população.

Até a década de 90, o volume de fêmeas registrado nos arquivos estudados (101, de 1976 a 1998) era maior que o de machos (48, de 1976 a 1998), ocorrendo uma inversão após este período, visto que, na última década, há o registro de 167 machos (56,4%) e 129 fêmeas (43,6%). A FIGURA 4 apresenta o número de animais Carabao, por sexo, nascidos nas quatro últimas décadas.

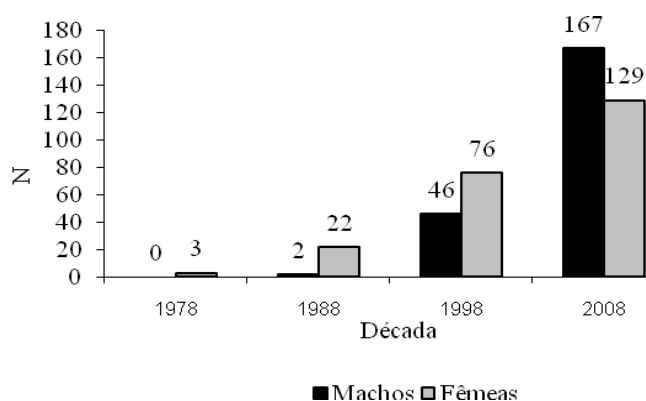


FIGURA 4 Número de animais Carabao, por sexo, no arquivo de registros genealógicos da Embrapa Amazônia Oriental nas últimas décadas.

O maior número de machos em relação ao de fêmeas no rebanho é citada por Barros (2009) em um estudo com caprinos, como desejável em rebanhos de conservação, uma vez que o risco de acasalamentos preferenciais é menor, garantindo assim a manutenção da variabilidade genética dentro do rebanho.

Segundo a classificação de populações criada por Scherf (2000), com base nos números de fêmeas reprodutoras de machos reprodutores, o Carabao enquadra-se como raça ameaçada, podendo ainda ser categorizada como crítica ou ameaçada de extinção, que identificam as populações em risco crítico ou que estejam em programas de conservação ativos, mantidos por empresas comerciais ou instituições de pesquisa.

Classificando, ainda, os nascimentos dos indivíduos da raça Carabao em duas estações distintas; A chuvosa (de janeiro a junho) e a menos chuvosa (de julho a dezembro) (FIGURA 5), observa-se que na região do Baixo Amazonas (CEBA), os nascimentos ocorreram em maior proporção entre janeiro e junho (67,8% do total), enquanto que no Marajó (BAGAM), ocorreram 62,6% dos nascimentos entre os meses de julho e dezembro, mostrando uma clara

sazonalidade reprodutiva em ambas as regiões, apesar da concentração de partos em épocas diferentes do ano.

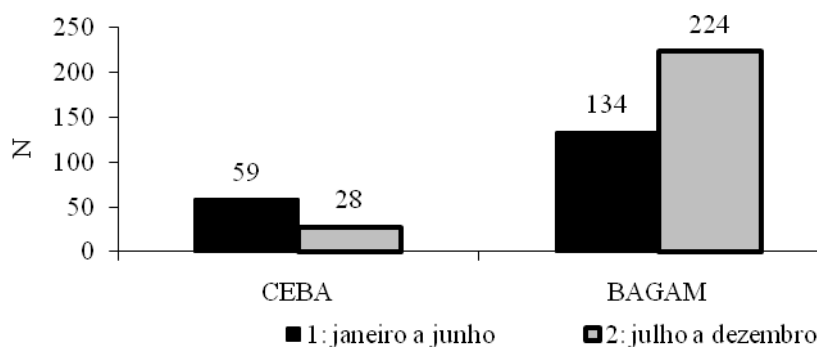


FIGURA 5 Nascimentos dos animais no arquivo genealógico da raça Carabao, em duas estações distintas.

De acordo com Vasconcelos (1996), em estudo feito com bubalinos da raça Murrah, no Estado de São Paulo, os animais que pariram na época da seca tiveram maiores intervalos de partos que os que pariram na estação chuvosa, época com maior disponibilidade de alimento e conforto animal.

Sampaio Neto et al. (2001), estudando búfalos da raça Murrah no estado do Ceará, observaram que as partições ocorriam nos meses que antecediam o período de março a maio, período chuvoso na região, apresentando um menor intervalo de partos, demonstrando que animais que parem em épocas mais favoráveis apresentam maior possibilidade de reduzir o intervalo de partos.

Na Amazônia Oriental, local deste estudo, há uma característica climática peculiar, pois se considera o período de janeiro a junho, em geral, como inverno no Baixo Amazonas ou período chuvoso, quando a temperatura é mais amena e a precipitação pluviométrica atinge, em algumas áreas, até 2.000 mm/ano. Nesta estação ocorreu maior concentração de nascimentos no rebanho CEBA, o que, segundo a literatura consultada, favoreceria para a diminuição do intervalo de gerações.

O período de julho a dezembro, verão amazônico, apresenta uma precipitação bem menor, variando de 300 a 1.000 mm, e com temperaturas mais altas, sendo a estação com maior concentração de nascimentos do rebanho do BAGAM. Porém, visualizando esse período, separadamente, de acordo com os meses do ano (FIGURA 6).

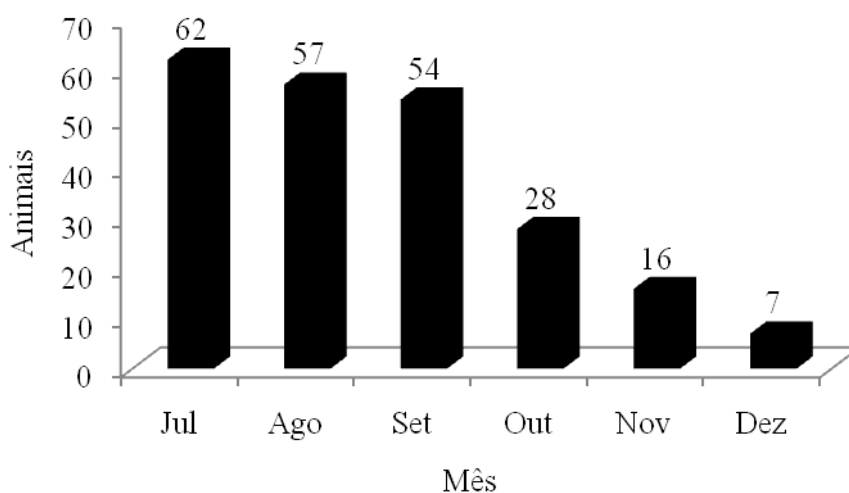


FIGURA 6 Distribuição de nascimentos na fazenda do BAGAM, na Ilha do Marajó, nos meses de julho a dezembro.

Observa-se que somente de julho a setembro, período que apresenta nível pluviométrico aceitável, há um número significativo de nascimentos, ocorrendo o desmame entre fevereiro e abril, proporcionando as fêmeas, ainda, mais de 60 dias para ganhar escore corporal, antes do novo ciclo de nascimento. Este manejo é importante para a determinação dos índices de eficiência reprodutiva do rebanho da região e fazem lembrar que quaisquer aspectos que comprometam a eficiência reprodutiva, como a elevada idade ao primeiro parto e o aumento de intervalo de partos citado, irão contribuir para alongar o intervalo de gerações; diminuir o tamanho da população; restringir acasalamentos e, assim, provocar baixa performance dos sistemas de produção ou baixo desempenho animal.

É necessário esclarecer que o rebanho fundador original da raça Carabao, na sua origem secular, é desconhecido, e não se pode precisar quantos animais foram introduzidos na origem histórica, porém, após a intervenção da pesquisa, no início da década de 90, foram catalogados apenas 93 animais, sendo, aproximadamente, 35 fêmeas adultas e o restante de outras categorias, inclusive dois reprodutores criados em regime extensivo no CEBA, no retiro Remanso, em isolamento reprodutivo (MARQUES, 1999).

Em junho de 1996, foram transferidos para o BAGAM 105 animais, (58 fêmeas, três machos e o restante das outras categorias) que constituíram o rebanho fundador da raça Carabao, objeto de estudo, deste trabalho onde se observa que o manejo extensivo empregado contribuiu para que muitas informações de paternidade fossem perdidas ou nem mesmo descritas nas gerações passadas.

No rebanho atual, portanto, têm-se poucas gerações identificadas, e os parâmetros estimados são consequência dessa estrutura, sendo que quanto mais completo for o *pedigree*, mais informativas serão as estimativas.

Os cálculos de intervalos de geração por passagem gamética foram apresentados na TABELA 3. A média geral encontra-se por volta de 7,7 anos, sendo que até o ano 2000 o intervalo de gerações encontrava-se acima deste valor, portanto considerou-se oito anos, como intervalo médio de gerações para a determinação das classes.

TABELA 3 Intervalos de geração médios, em anos, nas quatro passagens gaméticas.

Média (anos)	Passagem gamética			
	Pai-filho	Pai-filha	Mãe-filho	Mãe-filha
Geral	7,9	7,9	7,8	7,3
1996 a 2000	10,3	8,4	10,4	7,1
2001 a 2008	6,3	7,6	6,2	7,4

Valores próximos ao observado de 8 anos foi descrito por Costa et al (2005) de 8,3 anos e relatados por Poncet et al. (2005) de 7,8 a 9,3 anos, em seu estudo com a única raça nativa de cavalos na Suíça.

No Brasil, Taveira, Mota e Oliveira (2004) observaram intervalos de gerações maiores 10,91 anos do lado paterno e 10,41 anos do lado materno, já que a vida útil de cavalos atletas é maior quando comparada a animais de produção.

O intervalo utilizado não ficou distante ao considerado por Malhado et al.(2008), que considerou o intervalo de sete anos em búfalos da raça Mediterrâneo, ao usado por Faria et al. (2002) e Vercesi Filho et al. (2002) que relataram médias de 7,2 e 7,1 para animais registrados das raças Nelore Mocho e Tabapuã.

Os intervalos de gerações tendem a ser mais elevados em núcleos de conservação, visto os animais serem mantidos no rebanho por maior tempo possível, principalmente aqueles considerados fundadores, como forma de garantir sua maior participação na constituição genética da população e não haver grande perda de genes, como é o caso do Carabao brasileiro. Diferentemente dos rebanhos de programas de melhoramento, devido a

breve permanência dos animais, somado a entrada precoce na vida reprodutiva, observa-se menores intervalos de gerações.

A proporção de machos e fêmeas foi de 48,7% (215) e 51,7% (230), respectivamente, desses, 32 foram considerados fundadores, sendo quatro machos e 29 fêmeas, nascidos entre 1976 e 2000. Isso explica parte dos baixos valores obtidos, como o número efetivo de fundadores igual a 5,3 animais, o número efetivo de ancestrais igual a 4,73 e o número de genomas remanescentes igual a 3,79 animais, que indicam a vulnerabilidade da raça Carabao no país. Outros parâmetros variabilidade genética e populacional estão apresentados na TABELA 4.

TABELA 4- Principais parâmetros populacionais calculados para búfalos Carabao.

Parâmetros de variabilidade genética avaliados	Valores (animais)
Número de ancestrais principais	100
Sexo da população-referência	Fêmea
Número total de indivíduos	445
Número de indivíduos sem progênie	309
Tamanho da população- referência (pais conhecidos)	62
Número total de fundadores	32
Número efetivo de fundadores (N_{fun})	5,3
Número efetivo de ancestrais (N_a)	4,73
Número efetivo de genomas remanescentes (N_g)	3,49
Contribuição marginal (de 1 ancestral), em %	41,91
Contribuição marginal (de 5 ancestrais), em %	72,78
Contribuição marginal (de 10 ancestrais), em %	82,26
Números de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética	2

Em bovinos venezuelanos da raça Criollo Limonero, pertencentes a programa de conservação e em perigo de extinção, Villasmil-Ontiveros et al. (2008) estudaram 2552 registros, sendo o NF igual a 386 animais, N_{fun} 63,5, N_g 27,7, N_a igual a 38 animais e o número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade genética foi de 18 animais, esses números proporcionalmente são críticos como os encontrados neste estudo.

Resultados semelhantes foram encontrados por Goyache et al. (2003) utilizando ovinos em conservação da raça européia Xalda. A raça está em risco de perda da diversidade

genética devido ao uso abusivo de certos indivíduos como pais. O número efetivo de fundadores do rebanho foi de 9,9. O valor médio de endogamia em toda a população foi de 1,5%. Porém, segundo esses autores, os valores de endogamia e tamanho efetivo da população não fornecem informações realistas sobre o risco de perda da diversidade.

Cunha et al. (2006) frisaram que o decréscimo do tamanho efetivo da população de gado de corte poderia estar associado ao aumento do nível de endogamia. De acordo com os autores, isso ocorre, principalmente, em razão do uso intensivo de alguns poucos touros melhoradores nos rebanhos e do aumento observado da variância do número de progênes por reprodutor em gerações sucessivas, portanto importantes de serem avaliados para identificar perda de diversidade genética.

No presente estudo a razão N_{fun}/N_a foi 1,12. Esses dois parâmetros quando comparados com os números das populações base e referência, demonstram que o rebanho se desenvolveu a partir de estreita base genética, o que a levou para um gargalo genético (*bottlenecks*).

Vercesi Filho et al. (2002a) encontraram valores de 0,36 observando bovinos da raça Indubrasil.

Valores maiores dessa razão foram descritos no Criollo Limonero (VILLASMIL-ONTIVEROS et al., 2008) igual a 1,67, para o Tabapuã (VERCESI FILHO et al., 2002b) igual a 1,44, Guzerá (FARIA et al., 2004a), igual a 1,48 e Sindi (FARIA et al., 2004b), igual a 1,77, indicando, mais uma vez, a grande vulnerabilidade da raça Carabao, já que o “efeito gargalo” indica a diminuição do número de reprodutores devido à seleção.

Como se sabe o “efeito gargalo” provoca o aumento da “deriva genética”, e esta é inversamente proporcional ao tamanho efetivo da população.

Barros (2009) encontrou N_a igual ao N_{fun} . Quando isso ocorre, significa que os animais que contribuíram para formação da raça continuam atuando de maneira efetiva no rebanho atual, ou seja, não houve nenhum animal, além dos considerados fundadores, que tenha contribuído de forma efetiva para a composição genética do rebanho.

No caso do Carabao, a situação é semelhante, pois atualmente ainda há fêmeas no CEBA ativas no rebanho do BAGAM. Vale ressaltar que o ideal é que esses números efetivos sejam os mais próximos possíveis da população fundadora.

A razão N_g/N_{fun} foi de 0,66, valor superior aos observados para Nelore (VOZZI, 2004), Guzerá (FARIA et al., 2004a) e Sindi (FARIA et al., 2004b), respectivamente iguais a 0,44; 0,39 e 0,43. Na raça Carabao, portanto, boa parte da perda de variabilidade genética

pode ser resultante do “efeito de gargalo” e “deriva genética”, fazendo necessários estudos mais profundos para seus cálculos.

No arquivo de dados analisados, apenas 11 animais, nascidos entre 1987 e 2000, responderam a 84% da contribuição genética do rebanho, sendo o reprodutor **A**, isoladamente, responsável por 42% da contribuição genética (TABELA 5).

TABELA 5- Contribuição acumulada dos principais indivíduos analisados.

Ind	Sexo	Ano	Contribuição Acumulada	Pai	Mãe	N
A	M	2000	0,4194	B	L*	120
B	M	1988	0,5685	0	0	85
C	M	1995	0,6371	0	0	90
D	F	1990	0,7016	0	0	7
E	F	1991	0,7278	0	0	9
F	M	1987	0,7520	0	0	35
G	F	1996	0,7722	0	0	4
H	F	1995	0,7903	0	0	4
I	F	1990	0,8065	0	0	9
J	F	1995	0,8226	0	0	5
K	F	1995	0,8387	0	0	4
L*	F	1991	0,0040	0	0	6

Ind, Pai e Mãe = codificação dos indivíduos; N = número de progênies; * acrescentada à tabela por ser mãe do reprodutor A.

Esses resultados apontam que apenas um pequeno número de indivíduos do sexo masculino foi e está sendo utilizado na reprodução e costumam ser consangüíneos ou aparentados, muito semelhante ao que ocorre nas poucas fazendas do Marajó, que introduzem animais de criadores de outras áreas, mas da própria ilha.

Esses resultados concordam com os achados por Gutierrez et al. (2005), ao estudarem burro Catalão, raça mais ameaçada dentro das raças espécie, no mundo. Com apenas cinco principais subpopulações, observaram uma importante perda de diversidade genética, justamente pelo aumento da endogamia por uso abusivo de alguns indivíduos em acasalamentos, apresentando valores para número efetivo de fundadores e ancestrais de 70,6 e 27, respectivamente, número equivalente de fundadores de 146,5 e o número de ancestrais

explicando a variabilidade genética de 93. Além disso, apenas 14% dos animais nascidos entre os anos 1960 e 1970 foram, significativamente, representados no *pedigree*.

Em jumentos Amiata, Cecchi et al. (2006), ao estudarem 602 animais do arquivo de *pedigree*, relataram que 18 animais explicariam 50% da variabilidade genética da população. No Carabao, somente dois animais explicam o mesmo nível de variabilidade (TABELA 4). Considerando-se, ainda, que os asininos deixaram de ser importantes na Itália e sofreram efeito gargalo entre 1945-1970, os bubalinos estudados, provavelmente, sofreram efeitos muito mais severos que aqueles evidenciados no estudo italiano.

Na Suíça, equinos Franches-Montagnes representam a única raça nativa, sendo importante garantir sua sobrevivência. O número de efetivos ancestrais variou entre 18,9 e 20,1 animais e 50% da variabilidade genética dessa população foi atribuída a sete indivíduos, que segundo os autores, ocorreu devido à seleção desses garanhões (PONCET et al., 2006).

Entretanto, trabalhos em bovinos relacionam o pequeno número de machos reprodutores ao uso errôneo da inseminação artificial, que é mais difundida nessa espécie do que em equinos e bubalinos (FARIA et al., 2004a, CUNHA et al., 2006, PARLAND et al., 2007, POGGIAN, 2008, SANTOS, 2009). Segundo Laa (2001), tanto a inseminação artificial como a transferência de embriões são tecnologias de introdução mais recente e menos frequentes em equinos.

Costa et al. (2006) mencionam que, em criações de equinos, o número de animais não é muito elevado e a seleção não tem objetivos econômicos bem definidos, como ocorre em outras espécies de animais domésticos, mais coerentes quando comparados com rebanhos em conservação.

Os aspectos populacionais dos equinos, principalmente os relacionados à endogamia e ao tamanho efetivo, apresentam particularidades próprias, segundo Valera et al. (1999). Para esses autores, o conceito de tamanho efetivo da população é importante para a compreensão dos efeitos da variação do número de machos e de fêmeas e do tamanho da família sobre a deriva genética e endogamia.

O rebanho Carabao faz parte de um trabalho de conservação, a análise populacional realizada se aproxima mais daquelas em equinos do que em bovinos, justificada pelo tipo de exploração e reprodução. Outro fato relevante é a permanência prolongada de reprodutores, ou seja, demora no descarte desses, que, segundo Malhado et al. (2007), é mais grave nos bubalinos por possuírem longa vida útil produtiva e a necessidade de crescimento da população, ao longo dos anos, permite que alguns criadores mantêm os reprodutores e matrizes por maior período no rebanho, o que ocasiona incremento do intervalo de geração.

Nos resultados deste estudo, os nascimentos ocorridos entre outubro de 2003 e setembro de 2008 (n=148) correspondem à progênie de apenas dois touros meio-irmãos e 82 fêmeas. Situação mais crítica que aquela apresentada por Nomura; Honda e Mukai (2001), quando 43% dos bovinos de corte japoneses (Japanese Black), nascidos em um ano descendiam de apenas cinco touros, numa população com mais de 55 mil vacas. O tamanho efetivo da população do gado japonês, apesar do expressivo rebanho, é de apenas 17,2 animais.

Foram calculados ainda os parâmetros: Número médio de ancestrais (N_a) e Número de gerações equivalentes ao longo dos anos para machos e fêmeas (FIGURA 7), que indicaram a qualidade do arquivo de *pedigree* estudado, já que, segundo Vozzi (2004), o N_a é um indicativo da diversidade genética presente. Observa-se, portanto, melhora no arquivo de *pedigree*, pois a partir do ano de 2003 o número de ancestrais, tanto nos machos, quanto nas fêmeas foi duplicado.

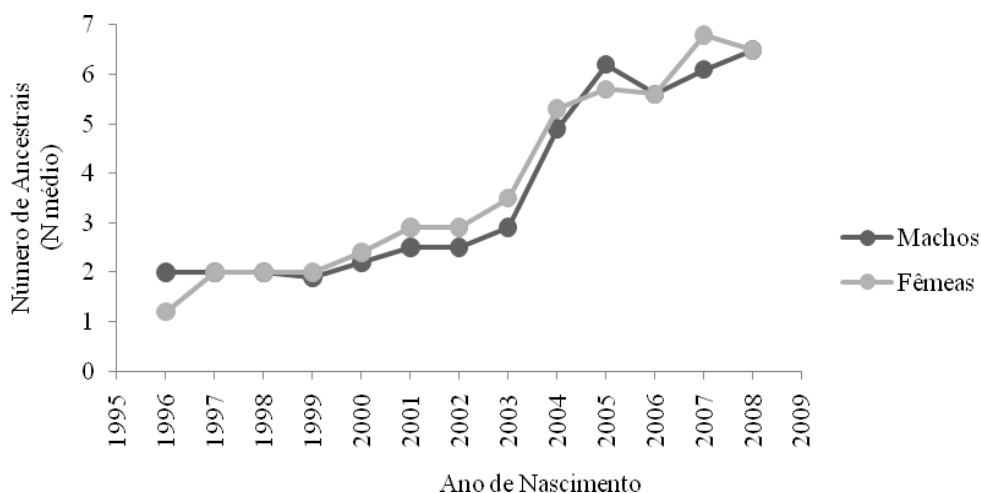


FIGURA 7 Número médio de ancestrais no pedigree do Carabao por ano de nascimento e sexo.

Por outro lado, o número de gerações equivalentes (FIGURA 8) está relacionado ao número de gerações que se pode contar, efetivamente, nos cálculos. Apesar do arquivo conter animais nascidos há quatro décadas, não se pode contar com três gerações, apesar do incremento ocorrido a partir de 2003.

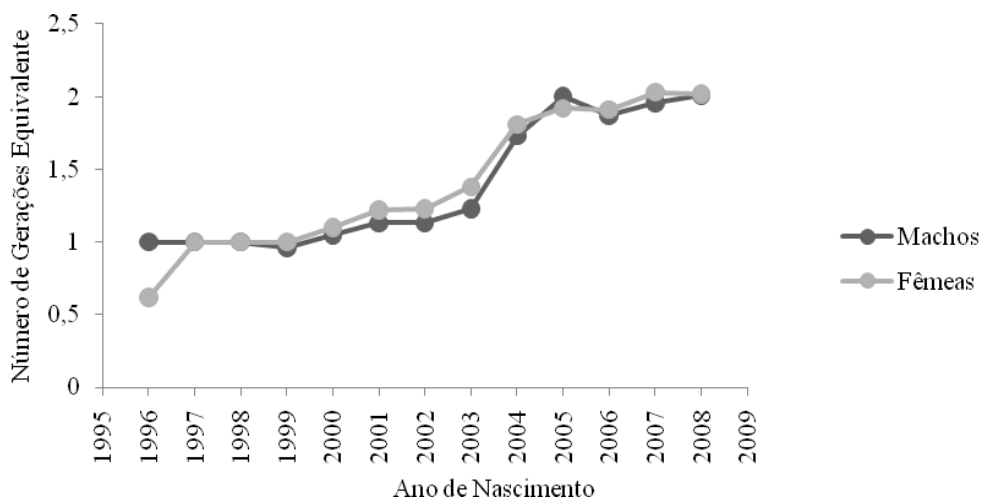


FIGURA 8 Número de gerações equivalentes no pedigree do Carabao por ano de nascimento e sexo.

Apesar do aumento no número de registros do Carabao verificado neste trabalho, muita informação, ao longo dos anos, foi perdida, fator que pode comprometer as conclusões a cerca da endogamia e tamanho efetivo da população.

A TABELA 6 mostra o número de animais endogâmicos, os coeficientes médios de endogamia (F) da população e entre os endogâmicos, por geração. A endogamia máxima encontrada foi de 31,25% (dado não mostrado). Vale ressaltar ainda, que esses indivíduos nasceram entre junho de 2004 e setembro de 2008, ou seja, na quarta geração.

TABELA 6- Demonstrativo dos animais endogâmicos, coeficientes médios de endogamia (F) da população e entre os endogâmicos, por geração.

Geração	Nº	Animais Endogâmicos	% de Endogâmicos	Média de F da população (%)	Média de F dos Endogâmicos (%)
1	8	-	-	-	-
2	32	-	-	-	-
3	133	-	-	-	-
4	272	69	25,4	1,85	11,95

Na primeira geração não foi registrada consanguinidade por ser composta pelos primeiros filhos dos animais fundadores. Na segunda e terceira geração esse fato é mais provável devido à falta de informações no *pedigree*. Além de que o Carabao se trata de uma população em conservação, com número reduzido de animais que, segundo Faria (2002), junto ao avançar das gerações, maior será a probabilidade de haver incrementos em F.

Malhado et al. (2008) relataram 1,9% de coeficiente médio para a raça Mediterrâneo, valor bem próximo ao obtido neste estudo, já Poggian (2008) observou coeficiente médio de endogamia em bovinos da raça Guzerá leiteiro, por volta de 2,5%, e atribuiu o aumento do coeficiente de F ao uso de animais aparentados nos acasalamentos ao logo dos anos, fato esse concordante com este estudo.

Equinos da raça Mangalarga Marchador apresentaram média do coeficiente de endogamia para toda a população de 1,3% e diferente de zero para 22,6% dos animais. Considerando apenas os animais endogâmicos, o coeficiente médio de endogamia foi de 5,7%, mínimo de 0,001 e máximo de 46,9%. Na população atual a média de endogamia ficou em 3,8%, enquanto a média nos pais foi de 7,3% (COSTA et al., 2005), valores bem mais baixos que os encontrados para o Carabao.

O coeficiente de endogamia encontrado por Reis Filho (2006), em bovinos da raça Gir, foi igual a 5,86%, apresentando uma preocupante tendência de crescimento linear com o passar do tempo.

Sabione et al. (2007), estudando uma raça de equinos de origem italiana (Haflinger) encontraram coeficiente de F igual a 2,16%, mas para esses autores isso não se constitui fator importante na avaliação da variabilidade genética dessa raça.

Cecchi et al. (2006) afirmaram que os resultados relacionados ao número de animais endogâmicos e o coeficiente médio de endogamia podem ser subestimados, quando há baixa qualidade no arquivo de *pedigree*. Relacionando os gráficos de qualidade do *pedigree*, especialmente antes de 2003, e a ausência de endogamia, até a terceira geração no Carabao, concluiu-se que poderão existir mais indivíduos aparentados e/ou indivíduos com coeficiente acima dos 31,25% do que aqueles apresentados neste estudo.

Apesar dos dados mostrarem alta relação entre os indivíduos estudados, baixos valores da probabilidade de origem dos genes ocasionando perda de variabilidade genética possivelmente por efeito gargalo e de deriva genética, o rebanho ainda não apresenta efeitos deletérios ligados à endogamia e, portanto, a pouca diversidade existente deve ser preservada.

Sendo parâmetros baseados na origem do gene resultados mais convincentes e de fácil interpretação que os derivados dos níveis de endogamia para quantificar o efeito da deriva genética nas populações (BOICHARD, MAIGNEL e VARRIER. 1997), especialmente quando as informações de *pedigree* são incompletas e poucas gerações são traçadas no *pedigree* dos animais, como é o caso do Carabao.

A FIGURA 9 apresenta o número de indivíduos endogâmicos agrupados por classes de endogamia (primeira classe entre 5 e 10% de coeficiente individual até a quarta classe, de 30 a 35%). A maior proporção dos animais endogâmicos se agrupa na classe de 10 a 15% de coeficiente individual de endogamia, diferentemente do que foi observado por Villasmil-Ontiveros et al. (2008) e Costa et al. (2005), onde quase 50% dos indivíduos endogâmicos encontravam-se na classe entre 5 e 10%.

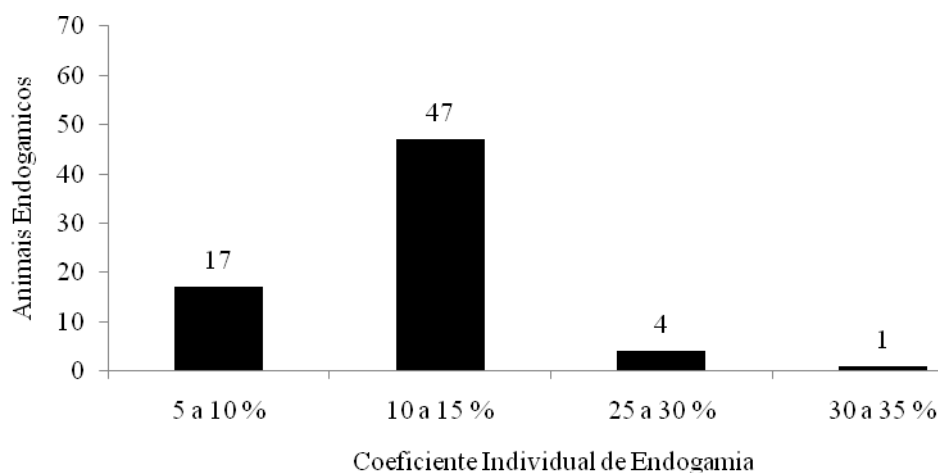


FIGURA 9 Distribuição por classe de endogamia individual dos indivíduos endogâmicos.

Na raça de bovinos Guzerá a maioria dos indivíduos pertencem à classe 0 e 1 (F igual a 0 e F maior que zero e menor ou igual a 0,01), concluindo-se que a frequência de indivíduos com valores elevados de F é baixa (POGGIAN, 2008).

O tamanho efetivo da população Carabao (N_e) não pôde ser calculado, pois, por definição, utiliza-se um ΔF baseado em pelo menos duas gerações consecutivas com indivíduos endogâmicos e, neste estudo, somente a última geração tem % F diferente de zero. Caballero e Toro (2000) comentaram, no entanto, que populações pequenas em conservação teriam mais vantagens em monitorar o número de genomas remanescentes do que o tamanho efetivo da população. Segundo Ballou e Lacy (1995), esta estratégia estaria diretamente relacionada à minimização da coancestralidade.

Villasmil-Ontiveros et al. (2008) comentaram a utilização de um sistema de acasalamentos rotacional, com cerca de 60 touros, produzindo 2500 filhos, aproximadamente, sendo estes de cinco famílias diferentes. Após cinco gerações, o coeficiente de endogamia permaneceu abaixo de 5%.

A adoção de acasalamentos otimizados com controle de parentesco seria uma saída para o controle da endogamia e, conseqüentemente, da perda de variabilidade genética do

Carabao, almejando o maior número de fêmeas reprodutoras e assim aumentar o tamanho efetivo da população. Ou ainda, introduzir no rebanho de conservação reprodutores de outros criatórios após determinação do cariótipo para confirmar a seleção $2n=48$ cromossomos.

Um estudo na área de genética molecular e/ou genômica para estudo de distância genética entre o Carabao brasileiro e o Carabao asiático seria mais uma alternativa para possível utilização de reprodutores no rebanho.

5 CONCLUSÕES

O arquivo genealógico da raça Carabao apresenta melhoria em relação à qualidade dos dados registrados, especialmente a partir do ano de 2003. No entanto, as lacunas existentes em relação aos animais fundadores, transferidos no ano de 1996, de Santarém para a Ilha de Marajó, comprometem as conclusões acerca da endogamia e tamanho efetivo da população. Os baixos valores encontrados dos índices populacionais indica que este rebanho desenvolveu-se a partir de estreita base genética, apontando que apenas um pequeno número de indivíduos do sexo masculino foi e está sendo utilizado na reprodução. Há perda de alelos entre gerações, além do possível “efeito gargalo”, que juntos definem a situação crítica da raça Carabao no Brasil.

O tamanho reduzido do rebanho e o alto intervalo de gerações têm relação com a longa vida útil produtiva, característica dessa espécie, e com a permanência dos reprodutores, fazendo com que haja o uso repetitivo de animais aparentados nos acasalamentos ao longo dos anos e favorecendo incrementos na endogamia do rebanho.

Os resultados apresentados estimulam estudos posteriores relacionados à avaliação do efeito da endogamia sobre características produtivas, bem como às taxas de sobrevivência e habilidade de produção da raça Carabao. Além disso, a associação de estudos com marcadores moleculares permitiria a correção do arquivo de *pedigree* e uma determinação mais precisa da variabilidade genética e da endogamia no rebanho.

Medidas estratégicas, como a otimização dos acasalamentos ou mesmo a entrada de novos animais, comprovadamente $2n=48$ cromossomos, precisam ser adotadas para aumentar o tamanho da população evitando a extinção do Carabao no Brasil.

REFERÊNCIAS

ALBUQUERQUE, M. S. M. et al. Preliminary evaluation of genetic distance among four buffalo populations conserved on Marajó Island (State of Pará- Brazil). In: GLOBAL CONFERENCE ON CONSERVATION OF DOMESTIC ANIMAL GENETIC RESOURCES, 5., 2000, Brasília. **Anais...** Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 1 CD-ROM. Editado por Arthur da Silva Mariante.

ALBUQUERQUE, M.S.M. **Marcadores moleculares e variabilidade genética em búfalos no Brasil**. 2005, 111 f. Tese (Doutorado) -Departamento de Genética, Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto, Ribeirão Preto, SP, 2005.

ALBUQUERQUE, M. S.M.; EGITO, A.A. ; MARQUES, J.R.F. et al. Variabilidade genética em búfalos determinada por marcadores RAPD. **Pesq. Agrop. Bras.**, v. 41, n. 4, p. 623-628, 2005.

ALBUQUERQUE, M.S.M. et al. Variabilidade genética em búfalos estimada por marcadores RAPD. **Pes. Agrop. Bras.**, Brasília, v. 42, no prelo, 2006.

AMARAL, F.R et al. Mastite Bubalina. **Rev. CBQL-** Conselho brasileiro de qualidade do leite, Juiz de Fora, v.1, n.4, p.16 - 20 2003. Ql é o título da revista? Precisa negritar.

ANDRADE, J. de V.; GARCIA, S.K. Padrões raciais e registro de bubalinos. **Rev Bras Reprod Anim**, Belo Horizonte, v.29, n.1, p.39-45, jan./mar. 2005.

ANIMALINFO. Disponível em www.animalinfo.org. Acesso em 13.01.2009.

ARANGUREN-MÉNDEZ, J. A. et al. Los microsatélites (STR`s) marcadores moleculares de ADN por excelência para programas de conservación: una revisión. **Arch. Latinoam. Prod. Anim.** 2005.13 (1): 30-42.

BALLOU, J.D. E LACY, R.C. Identifying genetically important individuals for management of genetic diversity in captive populations. In: BALLOU, J.D. et al. (Org) **Population management for survival and recovery**. New York. Columbia University Press, 1995, p.76-111.

BARBOSA, N. G. S. Bubalinocultura no Estado do Pará. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, Belo Horizonte, v.29, n.1, p.34-38, jan./mar. 2005.

BARBOSA, S.B.P.; LOPES, C.R.A.; PEREIRA, R.G.A. et al. Environmental and inherited factors as sources of variation in buffalo birth weight. In: World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 8, Belo Horizonte: MG, 2006. **Proceedings**.... Belo Horizonte: UFMG, 2006. Disponível em: <http://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/>.

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

BOICHARD, D; Maignel,L.; VARRIER,E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetics variability in a population. **Genet. Sel. Evol.** 29. 5-23. 1997.

BOICHARD,D. **Pedig**: a Fortran package for pedigree analysis suited for large populations. 2002. Disponível em: http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/rubrique.php3?id_rubrique=5.

BOZZI, R. et al. Genetic variability in three Italian beef cattle breeds derived from pedigree information. **Ital. J. Anim. Sci.** v. 5 p. 129-137, 2006.

BRASIL. Ministério da Agricultura. **Rebanho bubalino brasileiro** - efetivo por Estado. 2005. Disponível em: www.agricultura.gov.br. Acesso em 18 de março de 2008.

CABALLERO, A; TORO, M. A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Camb.Genet. Res.** v.75.p.331-343. 2000.

CARDOSO, L. S. **Avaliação de características reprodutivas de búfalos (*Bubalus bubalis* L.) nas várzeas do Médio Amazonas**. 1997.Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal doPará Belém, PA, 1997.

CARNEIRO, P.L.S. et al. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Rev. Bras. de Zootec.**, v.35, p.84-91, 2006.

CASSIANO, A.P. et al. Caracterização fenotípica de raças bubalinas nacionais e do tipo Baio. **Pesq. Agropec. Bras.**, v.38, p.1337-1342, 2003.

CECCHI, F. et al. Demographic genetics of the endangered Amiata donkey breed. **Ital. J. Anim. Sci.** v. 5, p. 387-391, 2006.

COLE, J.B.; FRANKE, D.E., LEIGHTON, E.A. Population structure of a colony of dog guides. **J. Anim. Sci.** v. 82. P. 2906-2912. 2004.

COSTA, M.D. et al. Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga Marchador. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.57, n.1, p.112-119, 2005.

CUNHA, E.E. et al. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.58, n.3, p.381-387, 2006.

DUNNER, S. et al. Genetic analysis and management in small populations: the Asturcon pony as an example. **Genet. Sel. Evol.** v. 30, 1998.

EGITO, A. A. et al. Conservação e caracterização de búfalos no Brasil: uma revisão de literatura. **Documentos CENARGEN**, v. 166, p. 01-33, 2006.

EGITO, A.A., MARIANTE, A.S.; ALBUQUERQUE, M.S.M, Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Arch. Zootec.** v. 51, p. 39-52. 2002.

EGITO, A.A. et al. Situação atual do banco de DNA de recursos genéticos animais no Brasil. **Arch. Zootec.** v. 54, p. 283-288. 2005.

EMBRAPA-ABCZ. **Sumário nacional de touros das raças zebuínas** – Nelore 2006. Disponível em: http://www.cnpqc.embrapa.br/~locs/sumario/sumzebu/nel_index.htm.

FAO - Food and Agriculture Organization. FAOSTART. Disponível em <http://faostart.fao.org./2006>. Acesso em 18 de abril de 2008.

FARIA, F.J.C. et al. Parâmetros Populacionais do Rebanho Gir Mocho Registrado no Brasil **Rev. Bras. Zootec.**, v. 30 p. 1984-1988, 2001a (Suplemento).

FARIA, F.J.C. et al. Parâmetros Populacionais do Rebanho Sindi Registrado no Brasil. **Rev. Bras. Zootec.**, v. 30. p. 1989-1994, 2001b. (Suplemento).

FARIA, F. J. C. **Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas**. 2002 177f Tese (Doutorado) EV-UFMG, Belo Horizonte MG 2002.

FARIA, F.J.C. et al. Estrutura populacional da raça Nelore Mocho. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, p.501-509, 2002.

FARIA, F.J.C. et al. Variabilidade genética da raça Guzerá. In. Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 5., 2004a, Pirassununga- SP. **Anais...** SBMA: Pirassununga (CD-ROM).

FARIA, F.J.C. et al. Estrutura genética da raça Sindi no Brasil. **Rev. Bras. Zootec.**, v.33, n.4, p.852-857, 2004b.

GLAZEWSKA, I.; JEZIEWSKI, T. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. **Liv. Prod. Sci.**, v.90, p.293-298, 2004.

GOYACHE, F. et al. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **J. Anim. Breed. Genet.** 120 2003.

GUTIÉRREZ, J.P. et al. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genet. Selec. Evo.**, n.35, p. 43–64, 2003.

GUTIÉRREZ, J. P. et al. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. **J. Anim. Breed. Genet.** v. 122 p.378–386, 2005.

HALL, S.J.G.; RUANE, J. Livestock breeds and their conservation - a global overview. **Conserv. Biol.**v.7, p.815-825, 1993.

HAMMAMI, H. et al. Genetic Diversity and Joint-Pedigree Analysis of Two Importing Holstein Populations **J. Dairy Sci.** v. 90 n. 7, 2007.

HONDA, T.; FUJII, T.; NOMURA, T.; MUKAI, F. Evaluation of genetic diversity in Japanese Brown cattle population by pedigree analysis. **J. Anim. Breed. Genet.**, v.123, n.3, p.123-129, 2006.

HUBY, M. et al. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management **Genet. Sel. Evol.** 35 (2003).

IBGE (Rio de Janeiro, RJ). **O Estado do Pará**. Disponível em: <http://www.mre.gov.br/revista/numero01/pa-p.htm/2005>. Acesso em 25 de novembro de 2008.

LAAT, D.M. **Contribuição genética de fundadores e ancestrais na raça Campolina**. 2001 34f. Dissertação (Mestrado)-Instituto de Ciências Biológicas. Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2001.

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

LEROY,G. et al. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. **J. Anim. Breed. Genet.** 123 (2006)

LÔBO, R.B. et al. Avaliação genética de touros e matrizes da raça Nelore: **Sumário 2006**. ANCP, Ribeirão Preto-SP, p. 124., 2006.

MALHADO, C. H. M. et al. Parâmetros e tendências da produção de leite em bubalinos da raça Murrah no Brasil. **Rev. Bras. Zootec.**, v.36, n.2, p.376-379, 2007.

MALHADO, C.H.M. et al. Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesq. Agropec. Bras.**, Brasília, v.43, n.2, p. 215-220, fev. 2008.

MARCONDES, C.R. et al. **Programa de pesquisas da Embrapa Amazônia Oriental para o melhoramento genético de búfalos**. Brasília: EMBRAPA, 2007 (Documentos on-line - EMBRAPA). 31p. Disponível em: <http://www.cpatu.embrapa.br>

MARCONDES, C.R. et al. Análise de *pedigree* como auxílio às decisões de acasalamento de bubalinos: resultados preliminares. In. **VII Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, 2008, São Carlos. Anais da Reunião da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal**. São Carlos: Embrapa Pecuária Sudeste, 2008. v. 1, p. 1, 2008 Disponível em: <http://www.sbmaonline.org.br/anais/vii/trabalhos/bubalinos/bu001.pdf>

MARIANTE, A.daS. et al. Advances in the Brazilian animal genetic resources conservation programme. **Anim. Genet. Res. Info.** FAO, Rome, Italy, v. 25, p. 107-121, 1999.

MARQUES, J. R. F. **Alguns aspectos de eficiência produtiva em bubalinos no trópico úmido brasileiro**. 1984. Tese (Mestrado) - Escola de Veterinária – UFMG Belo Horizonte, MG, 1984.

MARQUES, J.R.F. **Avaliação genético-quantitativa de algumas características do desempenho produtivo de grupos genéticos de búfalos (*Bubalus bubalis* L.)**. 1991. 148 f. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Estadual Paulista, 1991.

MARQUES, J.R.F. Performance produtiva de búfalos da raça Carabao em conservação genética. In: SEMINÁRIO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA EMBRAPA AMAZÔNIA ORIENTAL, 1998, Belém-Pa, 1998. p. 33-33.

MARQUES, J.R.F.; SOUZA, H.E.M. **Programa de Melhoramento Genético de Búfalos da EMBRAPA Amazônia Oriental**. 1. ed. Belém: Embrapa Amazônia Oriental, 1999. v. 1. 49 p.

MARQUES, J. R. F. **Banco de germoplasma de animais de interesse para a Amazônia**. Belém: EMBRAPA- CPATU. 1999. 12p. (Relatório do subprojeto 02.0.94.102.01).

MARQUES, J.R.F. et al. Conservation of genetic resources of the small populations of domestic animal of the Amazon Region in Brazil. **Anim.l Genet. Res. Informa.**, v.33, p.31-40, 2003.

MARQUES, J. R. F. et al. Conservação e melhoramento dos recursos genéticos animais da Amazônia brasileira. In: CONGRESSO INTERNACIONAL DE ZOOTECNIA - ZOOTEC 2008, 10, 2008, João Pessoa - PB. **Anais...** UFPB: João Pessoa (CD-ROM).

MUIR, W.M. The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **Amer. Soc. Anim. Sci.**, v.79, p.1-11, 2000.

NOMURA, T.; HONDA, T.; MUKAI, F. Inbreeding and effective population size of Japanese Black cattle. **J. Anim. Sci.** n. 79 p. 366–370, 2001.

PARLAND, S. M.C. et al. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations **J. Anim. Sci.** v. 85 p.322–331, 2007.

PEREIRA, J.C.C., **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5.ed. FEPMVZ Editora, Belo Horizonte. 2008.

POGGIAN, C. F. **Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para a produção de leite**. Juiz de Fora: ICB/UFJF, 2008 58f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas)- Instituto de Ciências, Biológicas/Universidade Federal de Juiz de Fora, 2008.

PONCET, P.A. et al. Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches Montagnes. **J. Anim. Breed. Genet.** n.123: p.114-121. (2006).

PROMEBUL: Sumário de touros bubalinos/ Coordenador Alcides de Amorim Ramos. Colaboradores Valter Joost Van Onselen, Heraldo César Gonçalves.– Botucatu:UNESP/FMVZ, 2001.

RAMOS, A. A. et al. **PROMEBUL**: sumário de touros bubalinos. Botucatu: UNESP/FMVZ, 2004, 25p. (**Boletim Técnico**, 2)

REIS FILHO, J.C. **Endogamia na raça Gir**. 2006 49f.Dissertação (Mestrado) UVF-Viçosa. Viçosa –MG, 2006.

ROSA, B.R.T. et al. Introdução de búfalos no Brasil e sua aptidão leiteira. **FAMED**: Guaçuara-SP, n. 08. 2007 (Publicação científica da Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia de Garça).

ROSATI, A.; VAN VLECK, L.D. Estimation of genetic parameters for milk, fat, protein and Mozzarella cheese production for the Italian river buffalo *Bubalus bubalis* population. **Liv. Prod. Sci.**, v. 74, n. 2, p. 185-190, 2002.

SABBIONI, A. et al. Genetic variability and population structure in the Italian Haflinger horse from pedigree analysis. **Ann. Fac. Medic. Vet. di Parma.** v. 27. p. 199-210. 2007.

SAMPAIO NETO, J. C. et al. Avaliação dos desempenhos produtivos e reprodutivos de um rebanho bubalino no Estado do Ceará. **Rev. Bras. Zootec**, Viçosa, MG, v. 30, n. 2, p. 368-373, 2001.

SANTOS, L. H. **Estrutura populacional e tendências genética e fenotípica da raça Guzerá criada no Nordeste do Brasil**. 2009 47f. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Ceará, 2009.

SANTIAGO, A.A. Histórico - Fundação, pioneiros, importadores, estudos e fomento – **Associação Brasileira de Criadores de Búfalo**, São Paulo, 1960.

SANTIAGO, E; CABALLERO, A. Effective size of populations under selection. **Genetics**. v. 139, p. 1013-1030, 1995.

SCHERF, B. World Watch List for Domestic Animal Diversity. Rome: Food and Agriculture Organisation of the United Nations. 3 ed **FAO**, Roma- Itália, 2000 726 p.

SORENSEN, A. C.; SORENSEN, M.K.; BERG, M. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. **J. Dairy Sci.**v. 88 p.1865–1872, 2005.

TAVEIRA, R. Z.; MOTA, M. D. S.; OLIVEIRA, H. N. Population parameters in Brazilian Thoroughbred. **J. Anim. Breed. Genet.** n. 121 p.384–391, 2004.

TONHATI, H. et al. Sazonalidade de partos, repetibilidade e fatores que afetam a produção de leite e a duração da lactação em búfalos da raça Jafarabadi. **Vet. Not.** v. 4, n. 1, p. 89-95, 1998.

TONHATI, H. et al. Programa de Melhoramento Genético de Búfalos Lecheros em el Brasil. In. SIMPÓSIO DE BÚFALOS DE BÚFALOS DAS AMÉRICAS, 3, 2006, Medellin. **Prodeeding**....Medllin: Colômbia, 2006.

TONHATI, H. CANAES, T de S., LIMA, A.L.F. **Fatores que afetam a contagem de células somáticas e suas relações com a composição e produção de leite de búfalas.** Disponível em:

www.spmv.org.br/.../palestras%20%20resumos/palestra%20buiatria%20Tonhati_celula%20somatica%20leite.doc. Acesso em 14 de março de 2008.

TORO, M. A. et al. Genealogical analysis of a closed herd of Black Hairless Iberian Pigs. **Conserv. Bio.** v. 14. n.6.p. 1843–1851. 2000.

TRIVINI, D. et al. Genetic parameters of first lactation performance traits in Murrah buffaloes. **Indian J. Anim. Sci.**, v. 71, n. 4, p. 394- 395, 2001.

VALERA, M. et al. A Importância do livro de genealógico na conservação de linhas, estirpes e raças equinas. **Rev. Port. Ciên. Vet.**, Abril/Junho, 1999.

VALERA, M. et al. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Liv. Prod. Sci.**, v.95, p.57-66, 2005.

VANRADEN, P.M. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation for langer population. **J. Dairy Sci.** v.75, p.3136-3144, 1992.

VASCONCELLOS, B.F. **Estudo da endogamia em um rebanho bubalino da raça Murrah.** Jaboticabal: UNESP, 1996. 69p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia)-Universidade Estadual Paulista, 1996.

VASCONCELLOS, B.F.; TONHATI, H. Inbreeding and its effects on some productive and reproductive traits in a Murrah buffalo herd. **J. Ani. Breed. Genet.**, v. 115, p. 299-306, 1998.

VERCESI FILHO, A.E. et al. Estrutura populacional do rebanho Tabapuã registrado no Brasil. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.54, p.609-617, 2002a.

VERCESI FILHO, A. E. et al. Estrutura populacional do rebanho Indubrasil registrado no Brasil. **Arc Latinoamericano de Prod. Ani.** v.10, n.2, p.86-92. 2002b.

VILLARES, J.B. et al. Prova de ganho de peso de bubalinos para fins de melhoramento genético. In: RAMOS, A.A.; VILLARES, J.B.; MOURA, J.C. de. Bubalinos. Campinas: **Fundação Cargill**, 1979.

VILLASMIL-ONTIVEROS, Y. et al. Análisis de Pedigrí en Criollo Limonero. **Ver. Cien.**, FCV-LUZ, v.18, n.3, 284 - 290, 2008.

VOZZI, P.A. **Análise da estrutura e variabilidade genética dos rebanhos do Programa de Melhoramento Genético da raça Nelore.** Ribeirão Preto: Departamento de Genética. 2004. 77 p. Tese (Doutorado) FMRP-USP, 2004.

VOZZI, P.A. et al. Pedigree analyses in the Breeding Program for Nelore Cattle. **Genet. Mol. Res.**, v.6, p.1044-1050, 2007.

WOOLLIAMS, J.A. Modifications to MOET nucleus breeding schemes to improve rates of genetic progress and decrease rates of inbreeding in dairy cattle. **Ani. Prod.** v.49, p.1-14, 1989.