



**INVESTIGAÇÃO DA ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE  
TERRIER BRASILEIRO:  
APLICAÇÕES NA PRESERVAÇÃO DA RAÇA**

Projeto realizado sob coordenação de

**Fabiana Michelsen de Andrade**

Bióloga, Mestre e Doutora em Genética e Biologia Molecular

Pós-Doutoranda do Programa de Pós Graduação em Zootecnia, UFRGS

Membro do grupo de pesquisa em Melhoramento Genético Animal – MEGAGEN

Coordenadora do grupo Genética Canina – [geneticacanina.com](http://geneticacanina.com)

e com o apoio da CBKC - Confederação Brasileira de Cinofilia, sendo  
Presidente Eng. Fábio Moreira Amorim,  
Diretor Técnico Dr. Ricardo Torre Simões,  
Presidente do Conselho Cinotécnico Dra. Mônica Amaral  
Coordenador do Conselho Brasileiro da Raça Terrier Brasileiro  
Prof. Klaus Dieter Sautter.



**2023**

"todos os direitos reservados"

**RELATÓRIO FINAL DE  
PROJETO DE PESQUISA CIENTÍFICA**

**INVESTIGAÇÃO DA ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO DE  
TERRIER BRASILEIRO:  
APLICAÇÕES NA PRESERVAÇÃO DA RAÇA**

**Fabiana Michelsen de Andrade**

Bióloga, Mestre e Doutora em Genética e Biologia Molecular  
Pós-Doutoranda do Programa de Pós Graduação em Zootecnia, UFRGS  
Membro do grupo de pesquisa em Melhoramento Genético Animal – MEGAGEN  
Coordenadora do grupo Genética Canina – [geneticacanina.com](http://geneticacanina.com)

**Fevereiro de 2023**

## **1 - INTRODUÇÃO**

No mês de abril de 2022 foi enviado pela CBKC o *stud book* da raça Terrier Brasileiro, com nomes de cães recodificados em números. Este banco de dados contém 24.101 cães nascidos entre 1978 e 2022, sendo 12.517 fêmeas e 11.584 machos, nascidos em diversos estados brasileiros, e registrados com todas as cores de pelagem possíveis da raça. Em novembro de 2022 foi enviado ao Conselho Cinotécnico um relatório parcial, referente aos dados obtidos até aquele momento. O presente documento consiste no relatório final do projeto de pesquisa, que poderá ser discutido em reunião com o Conselho Cinotécnico.

## **2 - RESULTADOS OBTIDOS PARA A POPULAÇÃO TOTAL (1978 – 2022):**

### **2.1-Detecção de erros de registro e correção do banco:**

Utilizando o pacote OptiSel do software R, além do software PopRep, foram detectados alguns erros de registro com relação ao sexo do animal, assim como ao ano de seu nascimento. Os seguintes erros foram detectados:

- **erros de registro de sexo:** 14 cães tiveram erro de registro como pai ou mãe, e foram deletados como genitores nestes pontos. Além disto, um cão foi registrado como mãe de 37 filhotes, mas era um cão macho e pai de vários outros filhotes, e foi também deletado como mãe nestes casos. Dezesete cães adicionais tiveram seu sexo de registro modificado, devido ao mesmo ser incompatível como o número de registros como pais ou mães.

- **erros de registro de ano de nascimento:** 83 cães tiveram datas de nascimento erradas (tendo sido registrados com datas posteriores ao nascimento de seus filhos). Estas datas foram deletadas. Somando com o número de cães sem data de nascimento disponível originalmente, 829 animais ao total não possuem o dado sobre data de nascimento. Assim, para todas as análises que necessitam ano de nascimento para serem realizadas, a amostra foi de 23.272 animais.

- foi detectado que o estado de Minas Gerais não figura dentre os estados com registros de Terrier Brasileiro. Assim, **solicita-se uma revisão do banco de dados fornecido, com relação à local de registro dos cães.**

### **2.2-Descrição da população:**

A figura 1 demonstra o número de registros ao ano, indicando um pico de registros no ano de 2021, com 1.235 cães. O ano anterior a este que havia chegado mais próximo foi o ano de 2003, com 1.129 cães. É importante lembrar que os dados de 2022 estão incompletos, uma vez que o banco de dados foi enviado no mês de abril pela CBKC.

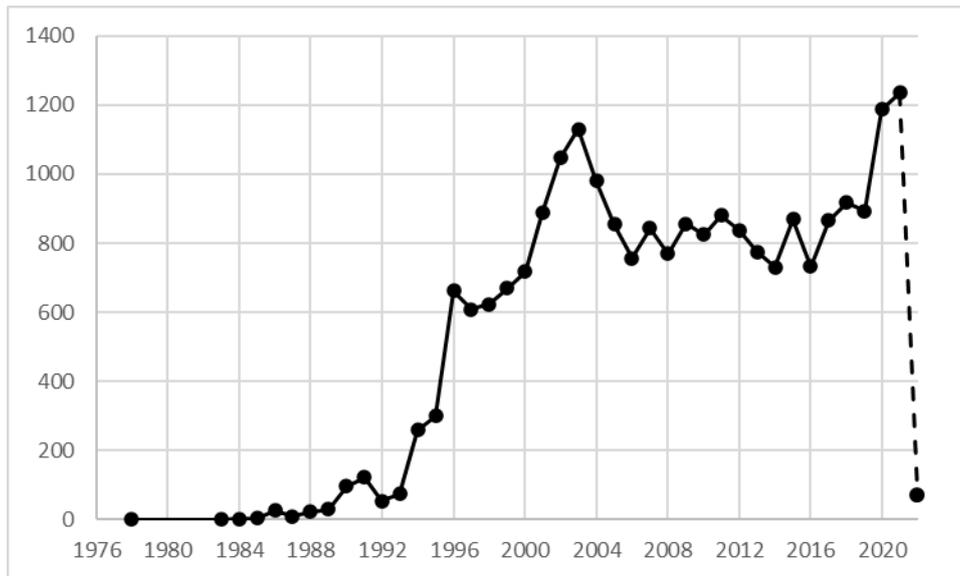


Figura 1 – Número de registros de Terrier Brasileiro por ano

A proporção de cães nascidos e também reproduzidos é um parâmetro muito importante para qualquer raça. O ideal para a manutenção da diversidade genética ao longo do tempo seria que 50% dos cães nascidos anualmente fossem reproduzidos. A figura 2 demonstra esta comparação. É possível perceber que ao longo do desenvolvimento da raça a proporção de cães reproduzidos foi sendo diminuído, o que é esperado. No entanto, a partir do ano de 1994 esta proporção se manteve abaixo de 25% em todos os anos, o que provavelmente está contribuindo para perda significativa de material genético da raça.

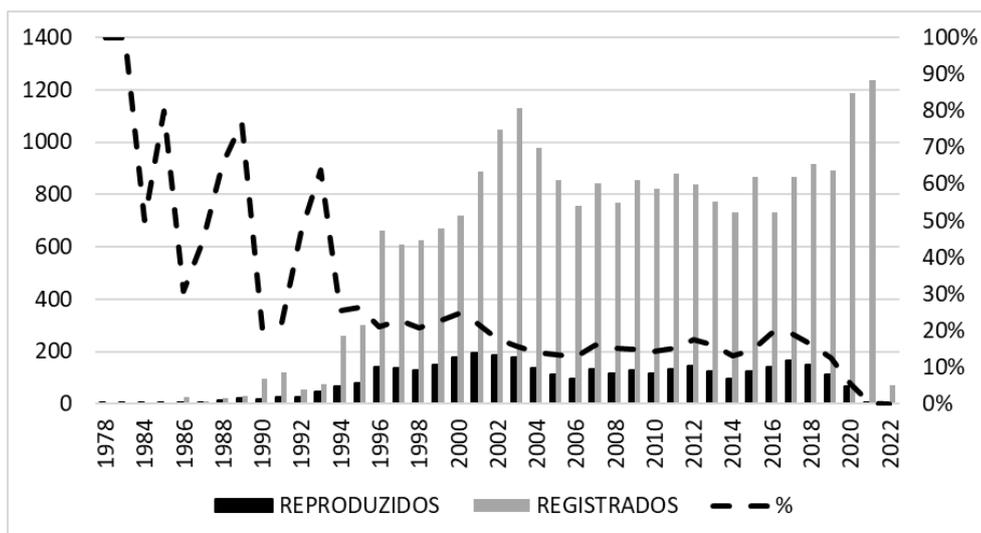


Figura 2 – Comparação entre número de cães registrados e reproduzidos por ano

A figura 3 demonstra o número de nascimentos ocorridos com cada idade de pai e mãe. É possível perceber que tanto machos como fêmeas tiveram o maior número de filhos entre 1 e 3 anos (acima de 400), e este número decai com o envelhecimento. Ainda assim, é importante notar que diversos exemplares foram reproduzidos com mais de 6 anos, chegando mesmo a casos mais raros de cães que tiveram filhos aos 14 anos (fêmea), e mais de 16 anos (macho). Ainda que o nascimento de um cão 16 anos após de seu pai possa ser possível devido ao uso de inseminação artificial com sêmen congelado, chama a atenção a reprodução de fêmeas idosas. Da mesma forma, chama a atenção o grande número de filhotes nascidos de pais com menos de 1 ano de idade (tanto machos como fêmeas).

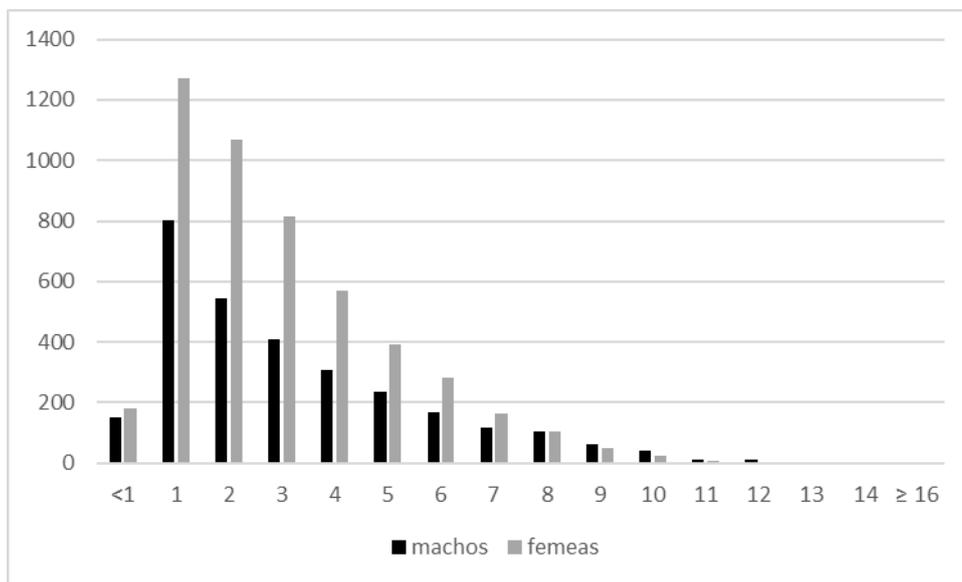


Figura 3 – Número de filhos nascidos em cada idade dos genitores (menos de 1 ano até mais de 16 anos)

Outro dado que chama muito a atenção é o número de partos de cada fêmea (Figura 4). Este número variou de 1 a 13 partos, com o maior número de fêmeas tendo até 4 partos. Ainda assim, os animais com mais de 4 partos somaram 1.117 fêmeas, e 28 fêmeas tiveram mais de 10 partos ao longo da vida, um número alarmante.

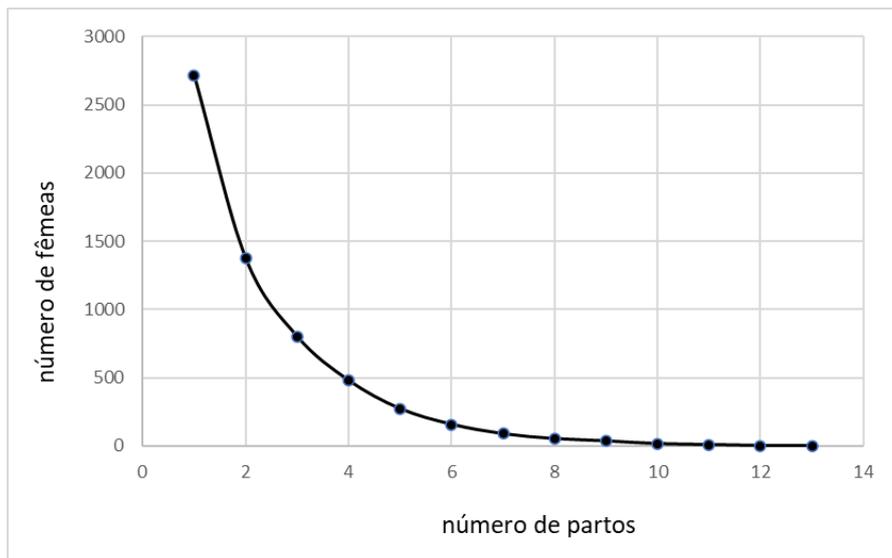


Figura 4 – Número de fêmeas de acordo com quantidade de partos ao longo da vida (1 a 13 partos)

As figuras 5 e 6 demonstram os números de filhotes produzidos pelos maiores reprodutores (fêmeas e machos, respectivamente). Com estes dados, é possível perceber quem são os padreadores e matrizes mais populares da raça.

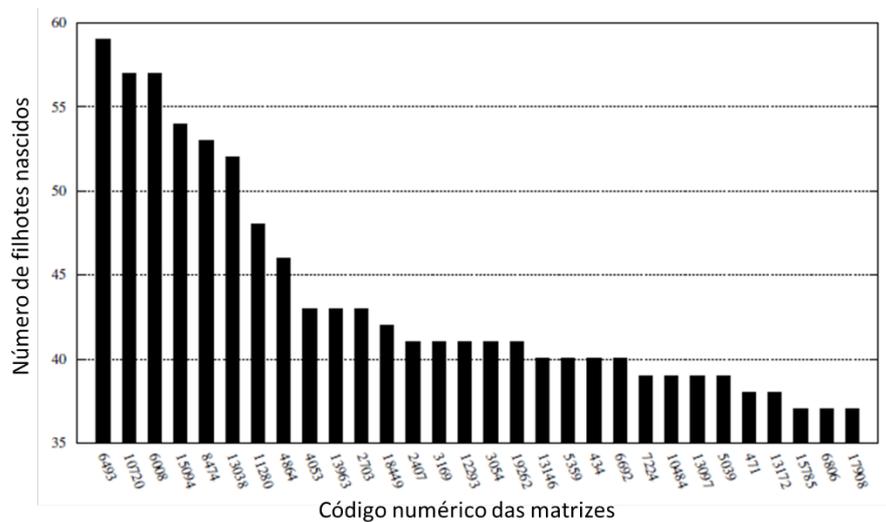


Figura 5 – Número de filhotes a partir das matrizes mais populares (os códigos da figura não correspondem aqueles do banco original. As primeiras cinco matrizes são respectivamente, as cadelas de código original 8757, 5350, 13253, 8917 e 8882)

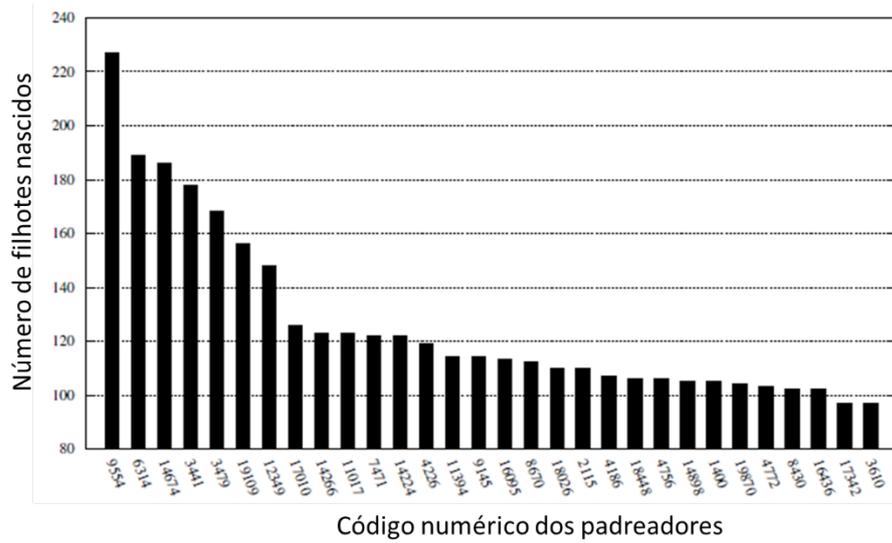


Figura 6 – Número de filhotes a partir dos padreadores mais populares (os códigos da figura não correspondem aqueles do banco original. Os primeiros cinco padreadores são respectivamente, os cães de código original 10489, 9472, 14945, 2055 e 4294)

### **3 – COMPARAÇÃO DE RESULTADOS OBTIDOS PARA A POPULAÇÃO TOTAL (1978 – 2022) E POPULAÇÃO REFERÊNCIA (2015-2022)**

Na área do melhoramento genético, o termo “população referência” é utilizado para designar o conjunto de animais que provavelmente estão em reprodução no momento do estudo. Dependendo das características da criação, a profundidade cronológica desta amostra será de um ou dois intervalos de gerações, já que o intervalo de gerações mede o número de anos entre o nascimento de um animal e sua reprodução. Na população total de Terrier Brasileiro, este número foi de 3,5 em média, e optamos por utilizar **dois intervalos de geração para definir a população referência** devido aos dados mostrados na figura 3. Esta figura demonstra que um bom número de reprodutores é utilizado além dos três anos de idade, chegando mesmo a 12 anos de idade. Desta forma, **a população referência estudada a seguir é constituída por cães nascidos nos últimos 7 anos** (correspondentes a dois intervalos de geração), que possuem uma boa chance de ainda serem reprodutores atualmente. Esta amostra é composta por 6.771 cães, além de seus ancestrais conhecidos.

#### **3.1- Análises sobre endogamia:**

##### **3.1.1 – População total**

O coeficiente de endogamia, também conhecido como F ou COI (*coeficient of inbreeding*) é um dos parâmetros utilizados para avaliar a diversidade genética da população. Quanto mais altos são os valores de endogamia, de forma geral menor é a variabilidade genética da população sendo reproduzida, o que pode ser deletério em diversos sentidos já comprovados pela literatura. Sabe-se que valores acima de 10% costumam estar relacionados de forma mais acentuada a estes efeitos, e quanto maiores, maior é o risco para o animal e para a população. Quando avaliada na amostra total, o valor de F médio na amostra nascida em todos os anos de análise foi de **0,123**, ou seja, **12,3%**.

Na tabela 1 abaixo é feita uma comparação rápida com dados publicados com o mesmo tipo de amostra de cães ingleses, e também com outros dados oriundos de nosso grupo de pesquisa (ainda não publicados), todos oriundos a partir de bancos de dados de pedigree. É possível perceber que a amostra avaliada de **Terrier Brasileiro possui um valor médio de F extremamente alto.**

Tabela 1 – Comparação de valores médios de endogamia entre a amostra de Terrier Brasileiro e outras raças

<b>Raça</b>	<b>país</b>	<b>F médio (%)</b>	<b>referência</b>
<b>Terrier Brasileiro</b>	<b>Brasil</b>	<b>12,3</b>	<b>Presente estudo</b>
Pastor Alemão – CBPA	Brasil	0,80	(dados próprios, não publicados)
Pastor Alemão - SBCEPA	Brasil	2,63	Bignardi e Santana Jr., 2023 (continua)

Boiadeiro Bernês	Brasil	0,81*	(dados próprios, não publicados)
Labrador Retriever	Brasil	0,61*	De Andrade e cols., 2022
Golden Retriever	Brasil	2,9*	(dados próprios, não publicados)
Akita	Inglaterra	3,8	Calboli e cols., 2008
Boxer	Inglaterra	4,8	Calboli e cols., 2008
Bulldog Ingles	Inglaterra	5,7	Calboli e cols., 2008
Chow Chow	Inglaterra	5,1	Calboli e cols., 2008
Collie (pelo longo)	Inglaterra	7,3	Calboli e cols., 2008
Golden Retriever	Inglaterra	3,5	Calboli e cols., 2008
Greyhound	Inglaterra	5,8	Calboli e cols., 2008
Pastor Alemão	Inglaterra	3,3	Calboli e cols., 2008
Labrador Retriever	Inglaterra	2,4	Calboli e cols., 2008
Springer Spaniel Inglês	Inglaterra	3,3	Calboli e cols., 2008

\*estes estudos possuíram informação de um número reduzido de gerações, o que leva à uma diminuição do F médio esperado.

A figura 7 demonstra a evolução do valor médio de endogamia ao longo do tempo, demonstrando um aumento gradativo, com pico nos dias atuais.

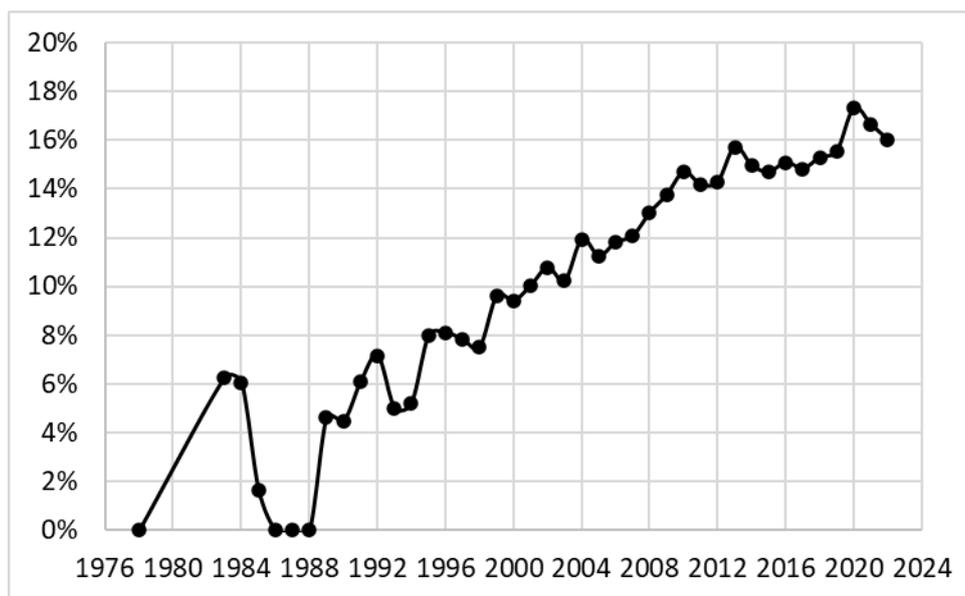


Figura 7 – Evolução da média de endogamia entre 1978 e 2022

Uma segunda forma de avaliar este parâmetro é com relação à proporção de cães endogâmicos (ou seja, com valores de F acima de 0). Na amostra total, este valor foi de **83,8%**. A tabela 2 traz uma comparação com outras populações, sendo da mesma forma possível notar que os **Terrier Brasileiros avaliados possuem um número extremamente alto de cães endogâmicos**.

Tabela 2 – Comparação de proporções de cães endogâmicos entre a amostra de Terrier Brasileiro e outras raças

Raça	país	Proporção de cães endogâmicos (%)	Referência
<b>Terrier Brasileiro</b>	<b>Brasil</b>	<b>83,8%</b>	<b>Presente estudo</b>
Pastor Alemão – CBPA	Brasil	40,6%	(dados próprios, não publicados)
Pastor Alemão - SBCPA	Brasil	74,7%	Bignardi e Santana Jr., 2023
Boiadeiro Bernês	Brasil	31,3%	(dados próprios, não publicados)
Labrador Retriever	Brasil	17,1%	de Andrade e cols., 2022
Golden Retriever	Brasil	44,9%	(dados próprios, não publicados)

A figura 8 demonstra a evolução da proporção de cães endogâmicos, além da proporção de cães com valores de F acima de 10% (considerado o máximo ideal), e acima de 25% (considerado perigosamente alto). É possível perceber que independente do ponto de corte utilizado para valores de F a situação da raça é preocupante, uma vez que tanto o número de cães endogâmicos como aquele com valores de F acima de 10% vem aumentando gradativamente. Chama atenção que desde o ano de 2003 mais de metade da população vem apresentando valores acima de 10%, chegando a mais de 80% dos cães atualmente. A proporção de cães com endogamia acima de 25% vem se mantendo aproximadamente constante desde 1995, sendo em torno de 10% dos cães. **É de grande preocupação o fato de que cinco cães demonstraram valores superiores a 50%, o que é considerado altíssimo, e típico de populações em extinção.**

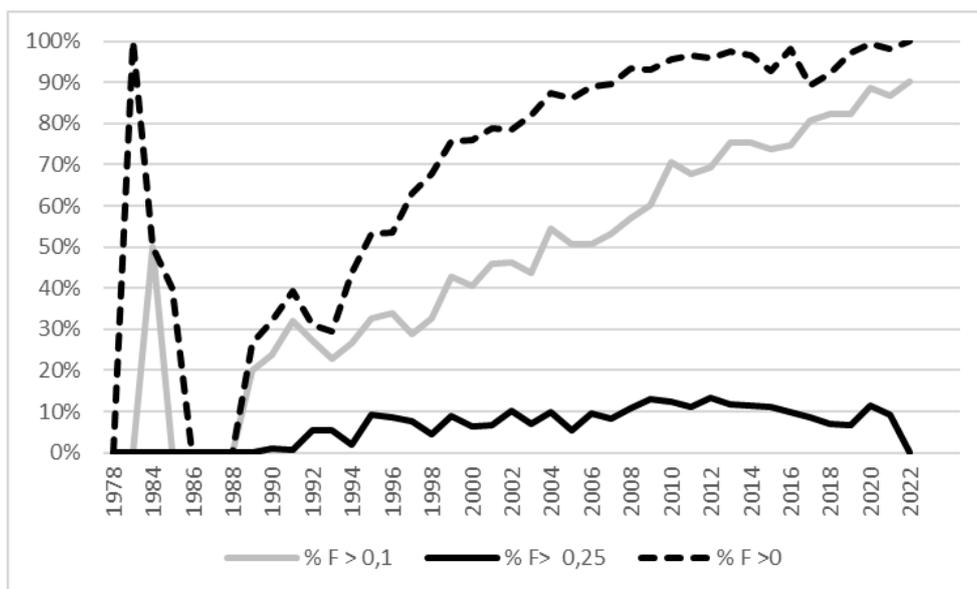


Figura 8 – Evolução da proporção de cães endogâmicos (F > 0, tracejado), cães com valores acima de 10% (linha cinza) e acima de 25%.

### 3.1.2 – População referência

É de grande importância reavaliar a situação da endogamia na população de atuais reprodutores, para investigar se os mesmos altos valores detectados na amostra total ainda se mantém atualmente. Na **população referência, os valores médios de endogamia são de 15,8%, com um máximo de 17,3% em 2020**, decrescendo levemente nos últimos dois anos. A comparação com os dados da tabela 1 continua demonstrando que os valores médios dentre os atuais reprodutores da raça são bastante altos.

A figura 9, demonstra que praticamente todos (acima de 90%) os reprodutores atuais são endogâmicos (de fato, dentre os cães nascidos em 2022, 100% dos mesmos possuem  $F > 0$ ). Ainda assim, como neste grupo muitos cães podem ter  $F$  baixo, é importante avaliar a proporção de cães com valores de  $F$  considerados muito elevados, e que ainda podem ser atuais reprodutores. O valor de  $F$  superior a 0,1, reconhecidamente como um limite para a saúde dos animais ocorre em entre 70 e 90% (2015 e 2022 respectivamente) dos atuais reprodutores. O número de cães com  $F$  acima de 0,25 também é considerável neste período, passando de 10% em 2020.

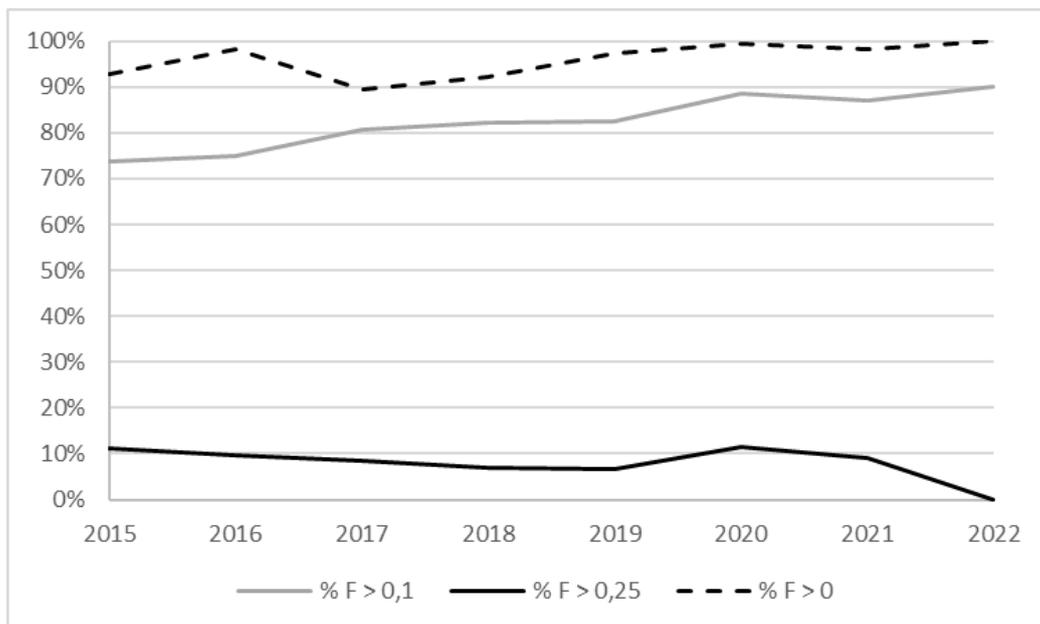


Figura 9 – Número de cães endogâmicos, com  $F$  superior a 10% e com  $F$  superior a 25% na população referência

### 3.2- Análises sobre tamanho efetivo da população, ou Ne:

#### 3.2.1 – População total

O **tamanho efetivo (ou Ne)** é o segundo parâmetro que, aliado à endogamia, demonstra a “saúde genética” de uma população. De forma superficial, é possível afirmar que Ne está relacionado com duas questões: 1) proporção de machos e fêmeas se reproduzindo – sendo que quanto mais diferente for este número, com poucos machos e muitas fêmeas, menor será Ne e 2) variabilidade genética da população se reproduzindo – sendo que se a maioria tiver alto grau de parentesco, o tamanho efetivo será menor. Ou seja, Ne é um número que mede o “tamanho genético” da população. Quanto mais adequada em termos de diversidade a população for, e quanto mais equilibrado forem os números de machos e fêmeas, maior será o valor de Ne, e será mais próximo do número real de cães se reproduzindo.

Diversos artigos avaliam este parâmetro, uma vez que a instituição FAO (*Food and Agriculture Organization*) da Organização das Nações Unidas estabeleceu pontos de corte para avaliar o risco populacional: valores abaixo de 100 ocorreriam em populações ameaçadas e valores abaixo de 50 ocorreriam em populações com alto risco de extinção. Claro que este risco está também relacionado com outros fatores, como por exemplo, o número de nascimentos/registros por ano. A figura 10 abaixo, retirada do trabalho de Lewis e cols (2015), demonstra esta relação para diversas raças (cada ponto sendo uma raça diferente criada e registrada no Reino Unido), assim como os dois pontos de corte já citados (linhas azul e vermelha)

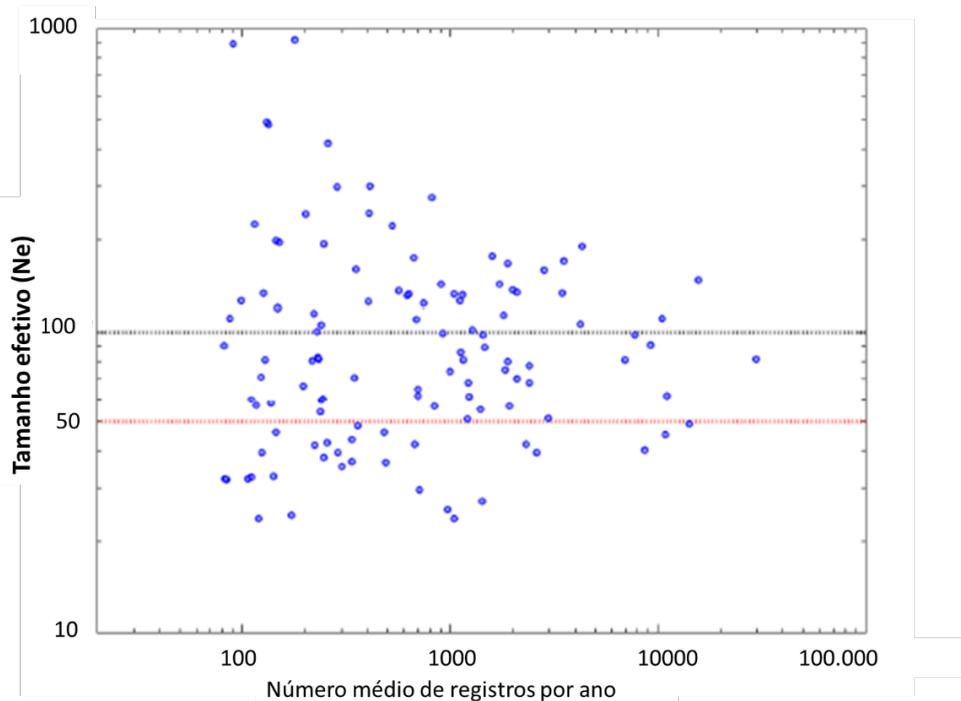


Figura 10 – Relação entre tamanho efetivo (Ne) e tamanho real (em número de nascimentos) para diversas raças registradas no Reino Unido (figura modificada de Lewis e cols., 2015).

Até o presente momento, diversas formas de calcular tamanho efetivo foram testadas para a presente amostra, e aparentemente a mais adequada indica que o  $N_e$  está abaixo de 50 desde o ano de 2019, conforme indicado abaixo:

2018 →  $N_e = 69$

2019 →  $N_e = 48$

2020 →  $N_e = 19$

2021 →  $N_e = 19$

2022 →  $N_e = 20$

**A média destes últimos 5 anos para  $N_e$  é de 35 cães, enquanto a média de registros é de 860 cães. Comparando estes dados com aqueles demonstrados na figura 9, a população de Terrier Brasileiro é colocada no quadrante inferior esquerdo, indicando um potencial risco futuro para extinção, caso nenhuma atitude de manejo genético seja tomada.**

Uma das metodologias utilizadas para avaliar a existência de possível subdivisão populacional, é o método descrito por Cervantes e cols (2011), que consiste em dividir o valor de  $N_e$  calculado a partir de  $\Delta C$  (variação anual do coeficiente de coancestralidade) e aquele calculado a partir de  $\Delta F$  (variação anual de  $F$ ). **Desta forma O resultado de 2,00 para o ano de 2022 indicou subdivisão populacional, uma vez que esta ocorre com resultados superiores ou iguais a 2.**

### **3.2.2 – População referência**

Ao analisar dados dos atuais reprodutores e seus ancestrais, nossos dados indicam que o  $N_e$  está abaixo de 50 desde o ano de 2020, conforme indicado abaixo:

2018 →  $N_e = 39$

2019 →  $N_e = 32$

2020 →  $N_e = 38$

2021 →  $N_e = 42$

2022 →  $N_e = 56$

**A média destes últimos 6 anos para  $N_e$  é de 41,4 cães, enquanto a média de registros é de 846 cães. Os dados obtidos a partir da população total, portanto, são confirmados pela análise de cães da população referência: comparando estes dados com aqueles demonstrados na figura 10, a população de Terrier Brasileiro é colocada no quadrante inferior esquerdo, indicando um grande risco futuro para extinção, caso nenhuma atitude de manejo genético seja tomada.**

Avaliando novamente a existência de possível subdivisão populacional na população de reprodutores atuais, foi utilizado o método descrito por Cervantes e cols (2011), que consiste em dividir o valor de  $N_e$  calculado a partir de  $\Delta C$  (variação anual do coeficiente de coancestralidade) e aquele calculado a partir de  $\Delta F$  (variação anual de  $F$ ). **O resultado de 2022 para a população referência foi de 1,22, valor que não indica subdivisão populacional significativa.**

### 3.3 – Verificação da existência de perda de diversidade e de gargalos populacionais

#### 3.3.1 – População total

Uma forma utilizada pela literatura para avaliar a perda de diversidade populacional e a existência de gargalos ao longo da história da raça é a divisão do parâmetro “ $f_e$ ” pelo valor de “ $f$ ”, e de “ $f_e$ ” pelo valor de “ $f_a$ ”.

O parâmetro “ $f$ ” se refere a todos os cães que não possuem genitores conhecidos sendo, portanto, tidos como “fundadores” da população. O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) se refere à genética dos animais que não possuem informações de pais e mães sendo, portanto, considerados fundadores, **e que persiste na população**. Já o número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) se refere ao número total de ancestrais, fundadores ou não, que explicam a diversidade genética atual. Estes valores são calculados separadamente para ancestrais/fundadores de machos e de fêmeas.

A divisão  $f/f_e$  originará valor igual a “1” quando a genética de cada fundador tiver permanecido na população, indicando que a contribuição dos fundadores foi balanceada. Ao contrário, quanto maior for o resultado, maior é a **indicação de perda da genética original dos fundadores**.

A divisão  $f_e/f_a$  indica a existência **de gargalos populacionais**, uma vez que caso estes dois parâmetros sejam similares, o resultado será próximo de “1”, indicando ausência de gargalos passados. Por outro lado, caso o valor de “ $f_a$ ” seja muito menor que o valor de “ $f_e$ ”, o valor final será superior a “1”, e quanto mais alto, maior a **indicação de gargalos populacionais**.

Estes três parâmetros, assim como as duas proporções, estão indicados na tabela 3 abaixo, a partir da população de machos e de fêmeas.

Tabela 3 – Parâmetros de diversidade populacional no Terrier Brasileiro

Parâmetro	fêmeas	machos	todos
<b>f – número real de fundadores</b>	953	975	1004
<b>fe – número efetivo de fundadores</b>	273,9	377,3	63,7
<b>fa – número efetivo de ancestrais</b>	160,5	291,0	50,7
<b>f/fe</b>	3,48	2,58	15,76
<b>fe/fa</b>	1,71	1,29	1,25

Os valores demonstrados acima indicam perda significativa da diversidade genética presente originalmente nos fundadores ( $f/fe=15,76$ ), uma perda maior em fêmeas (3,48) do que em machos (2,58). Valores de  $fe/fa$  superiores a 1 indicam a existência de gargalos populacionais (1,25), embora estes tenham sido mais intensos para fêmeas (1,71) do que para machos (1,29).

### 3.3.2 – População referência

Os parâmetros  $f$ ,  $fe$  e  $fa$ , assim como as duas proporções, estão indicados na tabela 4 abaixo, a partir da população de machos e de fêmeas.

Tabela 4 – Parâmetros de diversidade populacional na população referência do Terrier Brasileiro

Parâmetro	fêmeas	machos	todos
<b>f – número real de fundadores</b>	216	217	219
<b>fe – número efetivo de fundadores</b>	38	39	32,8
<b>fa – número efetivo de ancestrais</b>	12,6	12,9	10,9
<b>f/fe</b>	5,7	5,6	6,7
<b>fe/fa</b>	3,0	3,0	3,0

Os valores demonstrados acima indicam perda significativa da diversidade genética presente originalmente nos fundadores ( $f/fe=6,7$ ). O fato de proporção ser bem inferior àquela demonstrada na população total (15,76) é indicativo de que **a maior perda de diversidade ocorreu nos primeiros anos de criação da raça, se tornando menos intensa dentre os reprodutores atuais.**

Valores de  $fe/fa$  superiores a 1 indicam a existência de gargalos populacionais (3,0). Ao comparar esta proporção com àquela calculada na população total (1,25), é

possível perceber que a **intensidade de gargalos populacionais foi maior nos últimos anos de criação.**

### 3.4 – Detecção dos cães que mais contribuíram geneticamente para a população atual

#### 3.4.1 – População total

Quando são avaliados os ancestrais e fundadores de todos os cães da população de Terrier Brasileiro, é interessante notar que somente **UM CÃO é responsável por 7,3% da genética desses animais.** Este cão nasceu em **1996, sendo o padreador de código 2055.** Somente **5 cães** respondem por **25% da genética** destes animais, e **21 cães** respondem por **50% de sua variabilidade genética.** Lembrando que existem mais de 20 mil cães no banco de dados, estes valores são muito representativos do quanto a genética original da raça foi perdida.

Na tabela 5 abaixo são listados os 5 cães que deixaram as maiores “marcas genéticas” na população da raça.

Tabela 5 – Animais com maiores participações genéticas na população de Terrier Brasileiro

Importância	Sexo	Código	Ano	% da genética
1	M	2055	1996	7,3%
2	M	279	1991	5,8%
3	M	330	1993	4,5%
4	F	122	1990	4,2%
5	M	1778	1996	3,8%

É importante perceber que os dados apresentados neste item não possuem relação direta com aqueles demonstrados nas figuras 5 e 6 deste relatório. Naquelas figuras, é feita uma quantificação simples do número de filhos registrados (tendo sido reproduzidos ou não). Por outro lado, a tabela 3 demonstra uma análise mais longitudinal, ao longo do tempo, sobre a população. Escolhendo como exemplo a matriz de número 122, nascido em 1990: este animal não é um dos cinco que tiveram mais filhotes ao longo de sua vida, de acordo com a figura 5. No entanto, para ela estar nesta tabela como a primeira colocada para o grupo de fêmeas, significa que dentre os filhotes que ela teve, muitos se reproduziram, e novamente muitos netos se reproduziram, e novamente grande parte dos bisnetos, e assim por diante. De fato, a cadela número 122 teve somente sete filhotes registrados.

Por outro lado, em um segundo exemplo, o cão número 2055, nascido em 1996, foi o quarto colocado na lista de maiores padreadores (com um número de filhos próximo a 180, conforme a figura 6). De acordo com a tabela 3, este cão figura como o 1º colocado para a formação genética da população, provavelmente porque além de ter

tido um grande número de filhos, grande parte destes filhos se reproduziram, assim como seus netos, e bisnetos.

Como último ponto, o maior padreador da amostra, com relação à número de filhotes nascidos (cão número 10489, com quase 230 filhos) não figura na tabela 3, provavelmente porque somente uma parte destes numerosos filhos originaram proles nas gerações sucessivas.

### 3.4.2 – População referência

Quando são avaliados os ancestrais e fundadores de todos os cães da população referência de Terrier Brasileiro, é interessante notar que somente **UM CÃO é responsável por 19,9% da genética desses animais**. Este cão não possui data de nascimento conhecida, sendo o padreador de código 482. Somente **2 cães** respondem por **35% da genética** destes animais, e **4 cães** respondem por **53% de sua variabilidade genética**. Lembrando que o número de cães que são a princípio reprodutores atualmente é de 6.771 cães, estes valores são muito representativos do quanto a genética disponível na raça não vem sendo utilizada de maneira equilibrada.

Na tabela 6 abaixo são listados os 5 cães que deixaram as maiores “marcas genéticas” na população da raça.

Tabela 6 – Animais com maiores participações genéticas na população de Terrier Brasileiro

Importância	Sexo	Código	Ano	% da genética
1	M	482	2000*	19,9%
2	M	274	1991	15,7%
3	F	485	2000*	11,7%
4	F	2553	2000*	5,6%
5	M	330	1993	5,1%

\*data estimada, pois este dado estava ausente/errado no banco de dados

Novamente, é importante lembrar que os dados desta tabela não correspondem, necessariamente, ao número de filhotes que o cão teve, mas refletem a herança sustentada ao longo das gerações até a população atual. Desta forma se, por exemplo, um cão teve 50 filhotes, mas poucos deles se reproduziram, e na próxima geração novamente poucos se reproduziram, e assim por diante, não estará dentre os cães que mais contribuíram para a genética atual. Por outro lado, um animal que teve poucos filhotes, mas todos se reproduziram, assim como boa parte de seus netos e bisnetos, irá figurar como um cão que contribua muito para a genética atual da população.

Desta forma, quando se compara os dados desta tabela com os das figuras 5 e 6, percebe-se que as fêmeas 485 e 2553 não figuram dentre as que tiveram mais progênie.

Na verdade, como demonstra a figura 5, a fêmea com maior número de filhotes teve quase 60 descendentes, porém contribuiu com somente 0,04% da genética atual.

Da mesma forma dentre os machos: os padreadores que mais contribuíram para a genética atual não figuram dentre os cães que tiveram maiores filhotes demonstrados na figura 6. O cão de número 10489 teve mais de 220 filhotes, porém contribui com somente 1,5% da genética atual.

### 3.5 – Análise de subdivisão populacional

#### 3.5.1 – População total

A análise dos componentes principais revelou que a subdivisão populacional detectada no ítem 3.2.1 pode ser observada através da distribuição gráfica abaixo (figura 11). Nesta figura, cada ponto corresponde a um animal da população total, o eixo X se refere à variabilidade existente entre grupos (clusters populacionais), e o eixo Y se refere à variabilidade existente dentro de cada grupo.

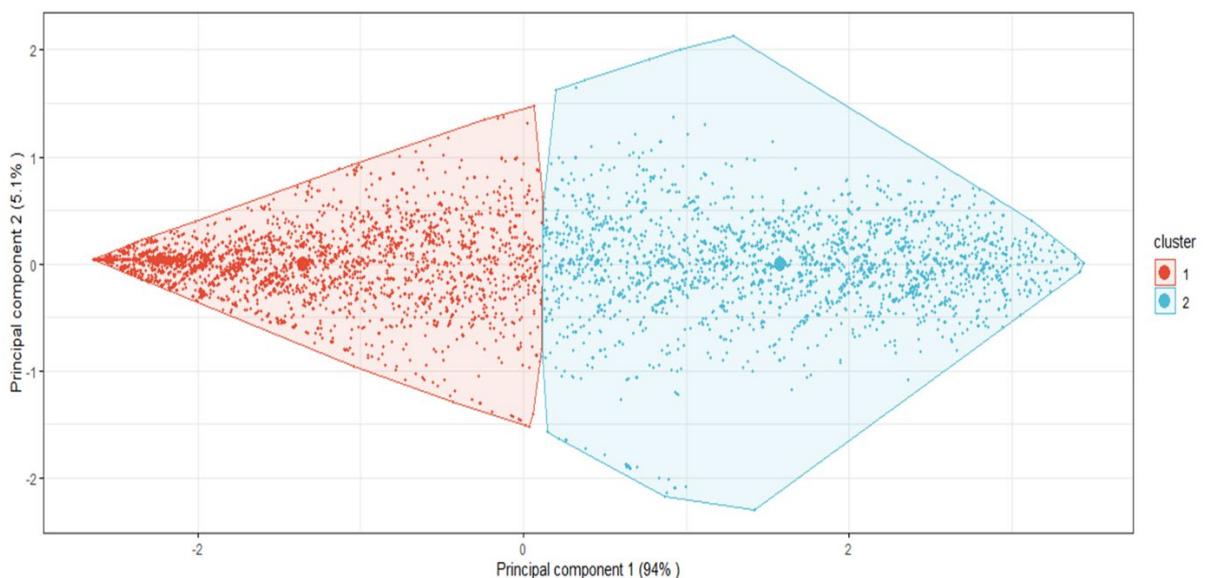


Figura 11 – Distribuição da variabilidade inter clusters (eixo x) e dentro de cada cluster (eixo Y), demonstrando leve subdivisão populacional da amostra total em **dois grupos**

Quando avaliados separadamente os dois clusters demonstram diferenças com relação à endogamia, demonstradas na tabela 7. Nesta tabela também estão demonstradas as diferenças de formação genética de cada cluster, pois lista os dez cães que mais contribuíram para a composição genética de cada um dos grupos. (ids pedig)

Tabela 7 – Comparação de endogamia e composição genética entre os dois clusters populacionais identificados na amostra total

**Grupo (cluster) 1 - vermelho****Grupo (cluster) 2 - azul****Endogamia em cada cluster**

F médio = 9,4%

F máximo = 59,4%

71,5% dos cães endogâmicos

F médio = 14,8%

F máximo = 51,8%

94% dos cães endogâmicos

**Principais ancestrais dos clusters**

animal	% da genética	animal	% da genética
13890	4,43%	11120	2,82%
13144	1,50%	17963	2,42%
8938	1,36%	19941	1,96%
14323	1,28%	13182	1,68%
14037	1,20%	3532	1,56%
9325	1,20%	16782	1,28%
10087	1,16%	20339	1,01%
10088	1,05%	20648	0,98%
691	1,03%	13029	0,80%
14643	0,99%	18012	0,77%

**3.5.1 – População referência**

Na população referência foi demonstrada que os clusters populacionais não estão tão separados, como já demonstrado no item 3.2.2. É possível perceber uma sobreposição entre os três clusters/subgrupos genéticos, conforme demonstrado na figura 12:

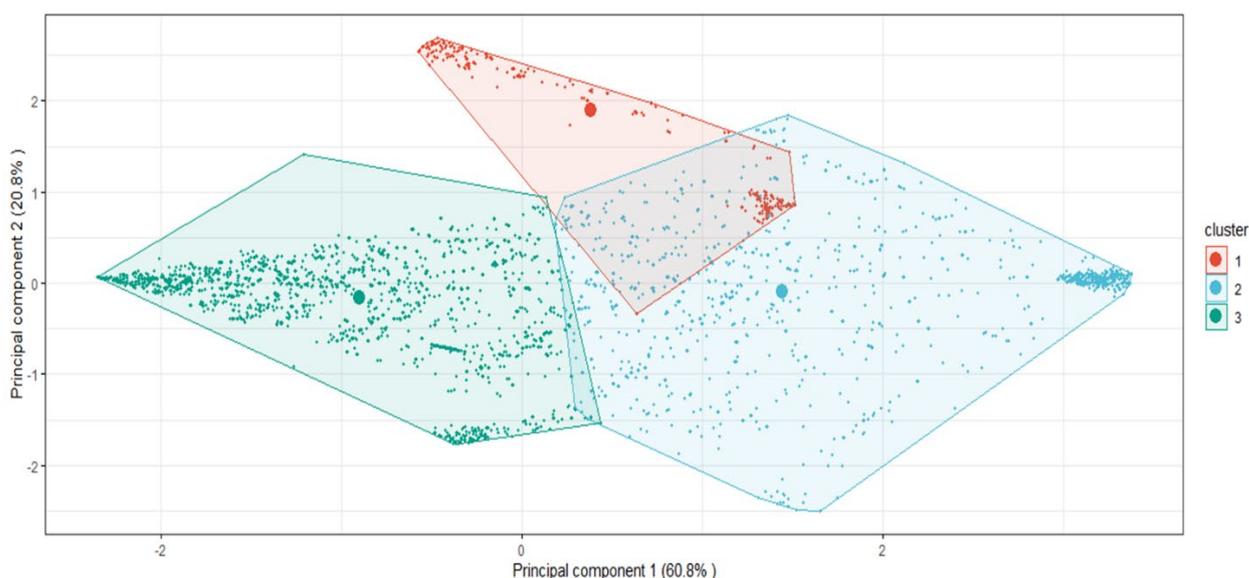


Figura 12 – Distribuição da variabilidade inter clusters (eixo x) e dentro de cada cluster (eixo Y), demonstrando leve subdivisão populacional da amostra total em **três grupos**.

A hipótese de que o isolamento geográfico tenha contribuído para a leve divisão populacional demonstrada na figura acima foi testada, comparando-se o número de cães nascidos em cada região, por cluster. A figura 13 demonstra esta análise, uma vez que é possível perceber que na região norte o cluster mais numeroso é o de número 2, na região central, o de número 3, e na região sudeste/sul o de número 1 ( $p < 0,0001$ ).

Embora seja possível perceber que este não é o único fator relacionado com a subdivisão, certamente é um dos fatores a ser levado em conta para explicar esse fenômeno.



Figura 13 – Distribuição dos três clusters populacionais entre regiões do país (“norte” = estados do Norte e Nordeste; “centro”\* = estados do Centro-Oeste, e Espírito Santo; “sul” = estados do Sul, São Paulo e Rio de Janeiro)

\*nenhum cão foi registrado no estado de Minas Gerais, o que imagina-se, seja um erro do banco de dados.

A tabela 8 abaixo demonstra a diferença de endogamia e de formação genética de cada cluster, pois lista os dez cães que mais contribuíram para a composição genética de cada um dos grupos.

Tabela 8 – Comparação de endogamia e composição genética entre os três clusters populacionais identificados na amostra total

Grupo (cluster) 1 - vermelho		Grupo (cluster) 2 – azul		Grupo (cluster) 3 – verde	
<b>Endogamia em cada cluster</b>					
F médio = 12,7%		F médio = 7,4%		F médio = 9,3%	
F máximo = 31,3%		F máximo = 39,8%		F máximo = 50%	
8,2% dos cães endogâmicos		49,9% dos cães endogâmicos		23,7% dos cães endogâmicos	
<b>Principais ancestrais dos clusters</b>					
animal	% da genética	animal	% da genética	animal	% da genética
6119	7,14%	10444	6,26%	11762	7,25%
10156	3,76%	14133	3,75%	10278	2,42%
13212	3,17%	5995	2,95%	17004	2,31%
7149	2,79%	7140	2,66%	10647	1,89%
7695	2,79%	12695	2,03%	11838	1,70%
8373	2,79%	5335	2,02%	12781	1,67%
9270	2,09%	5563	1,99%	12391	1,66%
7122	1,72%	3228	1,78%	13685	1,62%
8967	1,53%	12414	1,76%	10710	1,53%
9987	1,50%	7800	1,69%	11575	1,42%

### 3.6 – Coeficiente de coancestralidade (R) e indicação de indivíduos raros na população referência

O coeficiente de coancestralidade (também conhecido como “R” ou “kinship”) é um valor relacionado ao valor de endogamia (F), uma vez que o “R” de um casal é o mesmo valor de “F” de seus filhotes. Desta forma, uma ótima forma de avaliar quais os melhores casais a serem reproduzidos com o intuito de diminuir a endogamia nas próximas gerações e, conseqüentemente, aumentar a variabilidade, é através do cálculo de R para todos os possíveis casais de uma população, antes que os mesmos sejam reproduzidos. Assim, **valores de F são diagnósticos dos animais já nascidos, e valores de R de casais demonstram as possibilidades futuras de filhotes.**

Além disto, quando se compara um animal com todos os outros da população, temos, através do coeficiente R, uma medida do quanto este animal é relacionado a todos outros (na verdade, seria um **R médio do cão** – ou seja, a

comparação deste cão com todos os outros). Desta forma, também é possível calcular valores de **R de machos e de fêmeas**.

Através do cálculo de **R para machos e fêmeas** na população referência é possível colocar em ordem animais com valores mais baixos (que seriam em média menos relacionados ao restante da população – ou seja, animais geneticamente “raros”) e mais altos (que seriam muito relacionados ao restante da população – ou seja, animais geneticamente “comuns”). Para trabalhar no sentido de manejo reprodutivo direcionado para aumento de variabilidade genética, deve-se priorizar para reprodução machos e fêmeas com valores de R baixos, não existindo um ponto de corte máximo para tanto. **Sugere-se que a priorização de reprodução ocorra inicialmente utilizando a média de cada sexo, ou o percentil 50 de cada um, como valor máximo admitido a sugestão de reprodução**. A tabela 9 abaixo demonstra estes valores para machos e fêmeas. Apenas como exemplo, ao final do relatório, como anexos 1 e 2, estão listados os 10% melhores machos (TOP 10) para este quesito, e as 20% melhores fêmeas (TOP 20). **A lista dos cães abaixo da média/percentil 50% que estariam aptos à reprodução utilizando este quesito é, claro, bem maior.**

Tabela 9 – Coeficiente de coancestralidade (R) em machos, fêmeas e casais

	<b>MACHOS</b>	<b>FÊMEAS</b>	<b>CASAIS</b>
média	0,149	0,146	0,112
Percentil 10%	0,042	-	-
Percentil 20%	-	0,081	-
Percentil 50%	0,148	0,145	0,118

Apenas para ilustrar o raciocínio descrito no presente relatório, os cães listados nos anexos 1 e 2 foram distribuídos ao longo das unidades federativas, o que está demonstrado na figura 14

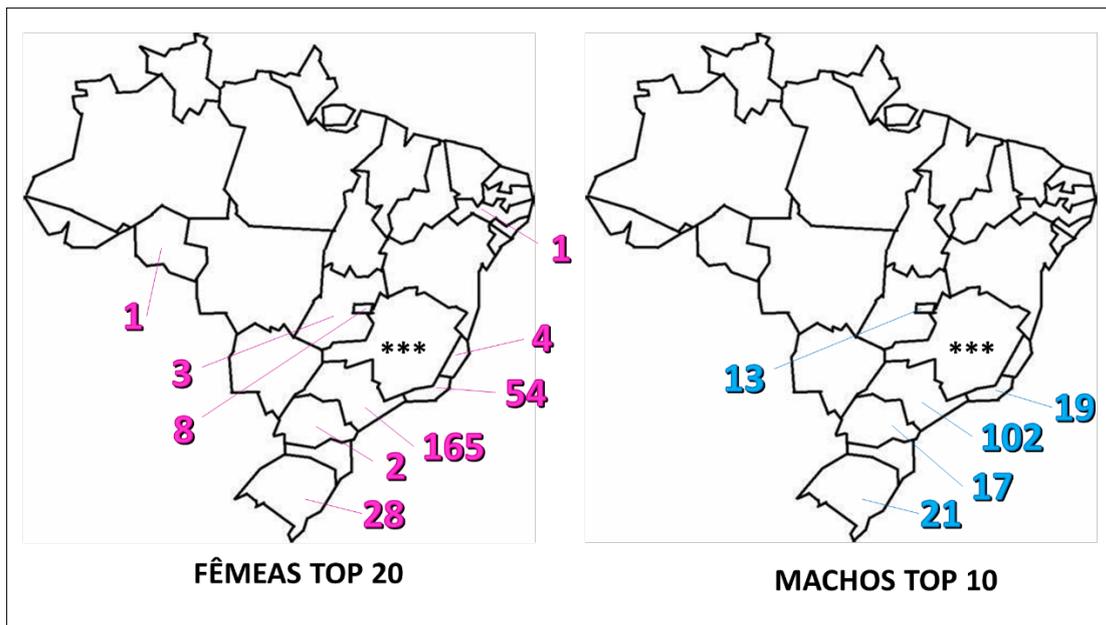


Figura 14 – Distribuição dos cães geneticamente mais raros ao longo das unidades federativas (\*\*\*) **atenção: o banco de dados fornecido não tinha nenhum registro do estado de MG)**

Um último ponto a ser levado em consideração é a **formação de casais**: de nada adianta escolher um padreador e uma matriz geneticamente raros, se ambos são altamente relacionados (de mesma linhagem): neste caso o R do casal será alto. Assim, **além de avaliar os valores de R de machos e fêmeas, é de extrema importância avaliar também o valor de R do casal antes da reprodução (que seria o correspondente ao valor de F da futura ninhada)**. Como um exemplo, para ilustração, foram avaliados todos os possíveis casais do Distrito Federal (8 fêmeas e 13 machos), com relação aos valores de R: dos 104 casais possíveis de serem acasalados, todos formados por cães geneticamente raros (valores de R baixos), somente 53 seriam recomendados para efetivo acasalamento, com base no critério de R do casal abaixo do percentil 50. O restante dos machos e fêmeas deveriam ser acasalados com animais de outros estados, a serem avaliados.

#### **4 – RESUMO DAS CONCLUSÕES MAIS IMPORTANTES:**

É importante lembrar que a comparação dos dados entre a população total e a população referência possibilita avaliar se a tendência detectada no conjunto da raça (população total) se mantém na população que teoricamente ainda está em período reprodutivo atualmente (população referência). Desta forma, as conclusões gerais do presente relatório são:

- 1) Os valores de endogamia/consanguinidade na população total **são bastante elevados** (com média de 12,3%), com uma porcentagem altíssima de cães endogâmicos (mais de 90%), valores estes que são mantidos similares na população referência
- 2) A comparação destes parâmetros com dados da literatura científica e com dados de outras populações brasileiras, **coloca o Terrier Brasileiro em um cenário preocupante**, uma vez que altos valores de endogamia estão relacionados a diversos efeitos deletérios para os animais e para a raça, já comprovados cientificamente
- 3) O tamanho efetivo, que demonstra **o “tamanho genético” da população, é inferior a 50** tanto para a população total como para a população referência. O número ideal indicado para a manutenção da “saúde genética” de uma população é acima de 100. Populações com tamanho efetivo abaixo de 50 por muitos anos seguidos tendem a ter maiores problemas relacionados a endogamia e, caso não passem por um programa de manejo, podem chegar à extinção.
- 4) Foi detectada uma **perda significativa da diversidade genética presente originalmente nos fundadores**, maior na população total do que na população referência. Por outro lado, a existência de **gargalos populacionais foi muito mais intensa na população referência** (últimos sete anos) do que na população total.
- 5) Na população total (de mais de 21 mil cães), foi possível perceber que **somente 21 cães responderam pela metade da variabilidade genética da população**. Na população referência, **somente 4 cães responderam por esta mesma parcela** da variabilidade genética, indo ao encontro do dado demonstrado sobre o maior efeito de gargalo populacional na população referência.
- 6) A **subdivisão populacional** detectada por dois métodos diferentes (ítems 3.2 e 3.5) esteve presente na população total. No entanto, **na população referência esta subdivisão já se encontra menos delimitada**, com a sobreposição de grupos genéticos (clusters). Esta tendência de homogeneização populacional deve ser um ponto de atenção, uma vez que existência de subgrupos é importante para a manutenção da diversidade genética. Para fins de manejo genético, é interessante que ocorra a detecção de grupos genéticos dentro de uma raça:

quanto mais distintos são estes grupos, maiores são as possibilidades de manejo para aumentar a variabilidade racial

- 7) A análise de coeficientes de coancestralidade (R) da população referência permitiu perceber que **a variabilidade genética ainda existente na raça pode ser melhor explorada em novos acasalamentos**. Assim, sugere-se a criação de um programa de manejo genético, com o objetivo de indicar cães prioritários de serem reproduzidos, e aqueles que deveriam ter sua reprodução limitada. Este tipo de programa pode prevenir a necessidade futura de cruzamento com outras raças, ou de inserção de cães sem registro no plantel.
- 8) O programa de manejo seria um projeto continuado, de acompanhamento de resultados anuais para raça, realizado pelo grupo MegaGen em parceria com a CBKC

## **5 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:**

Bignardi AB & Santana Jr ML (2023). Genetic diversity of Shepherd dog using pedigree analysis. *Ciência Rural*, 53:4, e20210827. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20210827>

Calboli e cols (2008). Population structure and inbreeding from pedigree analysis of purebred dogs. *Genetics*, 179:593-601. <http://dx.doi.org/10.1534/genetics.107.084954>

Cervantes I e cols (2011). Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigree populations. ***Journal of Animal Breeding and Genetics***, 128:56-63. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00881.x>

de Andrade FM e cols (2022). Avaliação da endogamia em criações nacionais de Labrador Retriever (Cap 8). In: *Pesquisas e Inovações em Ciências Agrárias: Produções Científicas Multidisciplinares do Século XXI Volume 3*. Editora Instituto Scientia, Florianópolis, SC. <http://doi.org/10.55232/1084004.8>

Lewis TW e cols (2015 ). Trends in genetic diversity for all Kennel Club registered pedigree dog breeds. *Canine Genetics and Epidemiology*, 2:13 <http://doi.org/10.1186/s40575-015-0027-4>

**ANEXO 1 – Machos em idade reprodutiva constantes dos 10% da população referência com R's mais baixos (machos geneticamente mais raros)**

id_orig	R	ESTADO	ANO	id_orig	R	ESTADO	ANO	id_orig	R	ESTADO	ANO
20617	0,00	DF	2019	17918	0,00	RS	2015	18911	0,00	SP	2017
20618	0,00	DF	2019	17454	0,00	RS	2015	18934	0,00	SP	2017
20619	0,00	DF	2019	17455	0,00	RS	2015	18935	0,00	SP	2017
20620	0,00	DF	2019	17456	0,00	RS	2015	18936	0,00	SP	2017
20621	0,00	DF	2019	17457	0,00	RS	2015	18937	0,00	SP	2017
18259	0,00	DF	2016	17458	0,00	RS	2015	18952	0,00	SP	2017
18696	0,00	DF	2016	17465	0,00	RS	2015	18953	0,00	SP	2017
18697	0,00	DF	2016	17466	0,00	RS	2015	18959	0,00	SP	2017
18038	0,00	DF	2015	17467	0,00	RS	2015	19110	0,00	SP	2017
18039	0,00	DF	2015	23374	0,00	SP	2021	19111	0,00	SP	2017
18040	0,00	DF	2015	22958	0,00	SP	2021	19239	0,00	SP	2017
18041	0,00	DF	2015	22959	0,00	SP	2021	19240	0,00	SP	2017
18042	0,00	DF	2015	22960	0,00	SP	2021	19241	0,00	SP	2017
22369	0,00	PR	2020	22961	0,00	SP	2021	19444	0,00	SP	2017
21494	0,00	PR	2019	22962	0,00	SP	2021	19445	0,00	SP	2017
18090	0,00	PR	2016	23206	0,00	SP	2020	19576	0,00	SP	2017
18091	0,00	PR	2016	21012	0,00	SP	2019	19577	0,00	SP	2017
18092	0,00	PR	2016	21013	0,00	SP	2019	19578	0,00	SP	2017
18093	0,00	PR	2016	20801	0,00	SP	2019	19579	0,00	SP	2017
18559	0,00	PR	2016	20174	0,00	SP	2018	19553	0,00	SP	2017
18560	0,00	PR	2016	19855	0,00	SP	2018	19554	0,00	SP	2017
18561	0,00	PR	2016	19856	0,00	SP	2018	19555	0,00	SP	2017
18562	0,00	PR	2016	19857	0,00	SP	2018	19556	0,00	SP	2017
18563	0,00	PR	2016	19858	0,00	SP	2018	18856	0,00	SP	2017
18564	0,00	PR	2016	20171	0,00	SP	2018	18857	0,00	SP	2017
17279	0,00	PR	2015	20175	0,00	SP	2018	19502	0,00	SP	2017
18027	0,00	PR	2015	20176	0,00	SP	2018	18949	0,00	SP	2017
18028	0,00	PR	2015	20186	0,00	SP	2018	18950	0,00	SP	2017
18029	0,00	PR	2015	20187	0,00	SP	2018	18951	0,00	SP	2017
17753	0,00	PR	2015	20277	0,00	SP	2018	18433	0,00	SP	2016
23328	0,00	RJ	2021	20278	0,00	SP	2018	18434	0,00	SP	2016
23329	0,00	RJ	2021	20279	0,00	SP	2018	20045	0,00	SP	2016
23330	0,00	RJ	2021	20280	0,00	SP	2018	17827	0,00	SP	2015
23816	0,00	RJ	2021	20181	0,00	SP	2018	17828	0,00	SP	2015
23817	0,00	RJ	2021	20287	0,00	SP	2018	17829	0,00	SP	2015
23818	0,00	RJ	2021	19680	0,00	SP	2018	17830	0,00	SP	2015
21766	0,00	RJ	2020	19681	0,00	SP	2018	17311	0,00	SP	2015
21538	0,00	RJ	2020	20018	0,00	SP	2018	17312	0,00	SP	2015
21539	0,00	RJ	2020	20019	0,00	SP	2018	17350	0,00	SP	2015
22644	0,00	RJ	2019	20020	0,00	SP	2018	17353	0,00	SP	2015
22646	0,00	RJ	2019	20021	0,00	SP	2018	17652	0,00	SP	2015
20853	0,00	RJ	2019	20022	0,00	SP	2018	17653	0,00	SP	2015
20854	0,00	RJ	2019	20023	0,00	SP	2018	17654	0,00	SP	2015
22916	0,00	RJ	2018	20332	0,00	SP	2018	17655	0,00	SP	2015
19138	0,00	RJ	2017	19701	0,00	SP	2018	17863	0,00	SP	2015
19139	0,00	RJ	2017	19702	0,00	SP	2018	17866	0,00	SP	2015
19140	0,00	RJ	2017	19703	0,00	SP	2018	17867	0,00	SP	2015
17980	0,00	RJ	2015	19704	0,00	SP	2018	17391	0,00	SP	2015
17981	0,00	RJ	2015	19705	0,00	SP	2018	17392	0,00	SP	2015
20963	0,00	RS	2019	19868	0,00	SP	2018	17393	0,00	SP	2015
21192	0,00	RS	2019	19869	0,00	SP	2018	21474	0,00		2020
21193	0,00	RS	2019	19235	0,00	SP	2017	22343	0,00		2020
19778	0,00	RS	2018	20049	0,00	SP	2017	19486	0,00		2017
19779	0,00	RS	2018	18895	0,00	SP	2017	19490	0,00		2017
20349	0,00	RS	2018	18896	0,00	SP	2017	19491	0,00		2017
19659	0,00	RS	2018	18905	0,00	SP	2017	19492	0,00		2017
19660	0,00	RS	2018	18906	0,00	SP	2017	18162	0,00		2016
20292	0,00	RS	2018	18907	0,00	SP	2017	17869	0,00		2015
18850	0,00	RS	2016	18908	0,00	SP	2017	17870	0,00		2015
17916	0,00	RS	2015	18909	0,00	SP	2017				
17917	0,00	RS	2015	18910	0,00	SP	2017				

**ANEXO 2 – Fêmeas em idade reprodutiva constantes dos 20% da população referência com R's mais baixos (fêmeas geneticamente mais raros)**

id_orig	R	ESTADO	ANO												
23895	0,00	DF	2021	19561	0,00	RJ	2017	22604	0,00	SP	2020	20298	0,00	SP	2018
23896	0,00	DF	2021	20493	0,00	RJ	2017	22328	0,00	SP	2020	20299	0,00	SP	2018
23900	0,00	DF	2021	20216	0,00	RO	2018	22329	0,00	SP	2020	19643	0,00	SP	2018
23901	0,00	DF	2021	23336	0,00	RS	2021	22761	0,00	SP	2020	19644	0,00	SP	2018
23265	0,00	DF	2020	23337	0,00	RS	2021	22762	0,00	SP	2020	19697	0,00	SP	2018
23266	0,00	DF	2020	22716	0,00	RS	2021	22917	0,00	SP	2020	19698	0,00	SP	2018
23267	0,00	DF	2020	22717	0,00	RS	2021	22918	0,00	SP	2020	19699	0,00	SP	2018
20622	0,00	DF	2019	22718	0,00	RS	2021	22919	0,00	SP	2020	19700	0,00	SP	2018
24086	0,00	ES	2021	22719	0,00	RS	2021	22920	0,00	SP	2020	19864	0,00	SP	2018
24087	0,00	ES	2021	22720	0,00	RS	2021	22921	0,00	SP	2020	19865	0,00	SP	2018
24088	0,00	ES	2021	22339	0,00	RS	2020	22927	0,00	SP	2020	19866	0,00	SP	2018
20256	0,00	ES	2018	20802	0,00	RS	2019	22928	0,00	SP	2020	19867	0,00	SP	2018
23734	0,00	GO	2021	19844	0,00	RS	2018	23395	0,00	SP	2020	19232	0,00	SP	2017
23735	0,00	GO	2021	19894	0,00	RS	2018	23396	0,00	SP	2020	19233	0,00	SP	2017
23736	0,00	GO	2021	19895	0,00	RS	2018	23261	0,00	SP	2020	19234	0,00	SP	2017
22248	0,00	PE	2020	19896	0,00	RS	2018	23262	0,00	SP	2020	20046	0,00	SP	2017
20872	0,00	PR	2019	19897	0,00	RS	2018	23263	0,00	SP	2020	20047	0,00	SP	2017
20873	0,00	PR	2019	19657	0,00	RS	2018	23207	0,00	SP	2020	20048	0,00	SP	2017
23920	0,00	RJ	2021	19658	0,00	RS	2018	21037	0,00	SP	2019	18892	0,00	SP	2017
23922	0,00	RJ	2021	20288	0,00	RS	2018	20954	0,00	SP	2019	18893	0,00	SP	2017
22694	0,00	RJ	2021	20289	0,00	RS	2018	20955	0,00	SP	2019	18894	0,00	SP	2017
22695	0,00	RJ	2021	20290	0,00	RS	2018	20956	0,00	SP	2019	18897	0,00	SP	2017
23327	0,00	RJ	2021	20291	0,00	RS	2018	21902	0,00	SP	2019	18904	0,00	SP	2017
23815	0,00	RJ	2021	19172	0,00	RS	2017	21903	0,00	SP	2019	18938	0,00	SP	2017
23751	0,00	RJ	2021	18828	0,00	RS	2017	21904	0,00	SP	2019	18954	0,00	SP	2017
23752	0,00	RJ	2021	18829	0,00	RS	2017	21905	0,00	SP	2019	18955	0,00	SP	2017
22649	0,00	RJ	2020	18830	0,00	RS	2017	22723	0,00	SP	2019	18956	0,00	SP	2017
21726	0,00	RJ	2020	19498	0,00	RS	2017	22724	0,00	SP	2019	18957	0,00	SP	2017
21540	0,00	RJ	2020	19499	0,00	RS	2017	22725	0,00	SP	2019	18958	0,00	SP	2017
21541	0,00	RJ	2020	19500	0,00	RS	2017	22726	0,00	SP	2019	19112	0,00	SP	2017
21542	0,00	RJ	2020	19501	0,00	RS	2017	21337	0,00	SP	2019	19113	0,00	SP	2017
21543	0,00	RJ	2020	23371	0,00	SP	2021	21338	0,00	SP	2019	19114	0,00	SP	2017
22349	0,00	RJ	2020	23372	0,00	SP	2021	21339	0,00	SP	2019	19115	0,00	SP	2017
22350	0,00	RJ	2020	23373	0,00	SP	2021	21064	0,00	SP	2019	19236	0,00	SP	2017
22241	0,00	RJ	2020	23598	0,00	SP	2021	21065	0,00	SP	2019	19237	0,00	SP	2017
22243	0,00	RJ	2020	23599	0,00	SP	2021	21014	0,00	SP	2019	19238	0,00	SP	2017
21786	0,00	RJ	2020	23600	0,00	SP	2021	21015	0,00	SP	2019	19446	0,00	SP	2017
21809	0,00	RJ	2020	23601	0,00	SP	2021	21016	0,00	SP	2019	19447	0,00	SP	2017
21810	0,00	RJ	2020	22963	0,00	SP	2021	21017	0,00	SP	2019	19448	0,00	SP	2017
21811	0,00	RJ	2020	22697	0,00	SP	2021	21972	0,00	SP	2019	19449	0,00	SP	2017
20945	0,00	RJ	2019	22698	0,00	SP	2021	21973	0,00	SP	2019	19450	0,00	SP	2017
20946	0,00	RJ	2019	22699	0,00	SP	2021	21974	0,00	SP	2019	19451	0,00	SP	2017
20653	0,00	RJ	2019	22700	0,00	SP	2021	21975	0,00	SP	2019	19575	0,00	SP	2017
20654	0,00	RJ	2019	22701	0,00	SP	2021	22964	0,00	SP	2019	19557	0,00	SP	2017
22645	0,00	RJ	2019	23592	0,00	SP	2021	23498	0,00	SP	2019	19558	0,00	SP	2017
21724	0,00	RJ	2019	23594	0,00	SP	2021	20172	0,00	SP	2018	18851	0,00	SP	2017
20855	0,00	RJ	2019	23595	0,00	SP	2021	20173	0,00	SP	2018	18852	0,00	SP	2017
20856	0,00	RJ	2019	22827	0,00	SP	2021	19851	0,00	SP	2018	18853	0,00	SP	2017
20857	0,00	RJ	2019	22828	0,00	SP	2021	19852	0,00	SP	2018	18854	0,00	SP	2017
21388	0,00	RJ	2019	22829	0,00	SP	2021	19853	0,00	SP	2018	18855	0,00	SP	2017
21389	0,00	RJ	2019	23439	0,00	SP	2021	19854	0,00	SP	2018	19503	0,00	SP	2017
21390	0,00	RJ	2019	23440	0,00	SP	2021	20169	0,00	SP	2018	19504	0,00	SP	2017
21624	0,00	RJ	2019	23441	0,00	SP	2021	20170	0,00	SP	2018	19505	0,00	SP	2017
20709	0,00	RJ	2019	23442	0,00	SP	2021	20177	0,00	SP	2018	22721	0,00	SP	2017
20710	0,00	RJ	2019	23443	0,00	SP	2021	20178	0,00	SP	2018	23549	0,00		2021
21205	0,00	RJ	2019	23712	0,00	SP	2021	20179	0,00	SP	2018	23851	0,00		2021
21206	0,00	RJ	2019	23713	0,00	SP	2021	20180	0,00	SP	2018	23852	0,00		2021
19695	0,00	RJ	2018	23704	0,00	SP	2021	20183	0,00	SP	2018	21475	0,00		2020
20221	0,00	RJ	2018	23705	0,00	SP	2021	20184	0,00	SP	2018	22341	0,00		2020
20222	0,00	RJ	2018	23706	0,00	SP	2021	20185	0,00	SP	2018	22342	0,00		2020
19135	0,00	RJ	2017	23902	0,00	SP	2021	20275	0,00	SP	2018	20813	0,00		2019
19136	0,00	RJ	2017	23903	0,00	SP	2021	20276	0,00	SP	2018	20814	0,00		2019
19137	0,00	RJ	2017	23904	0,00	SP	2021	20281	0,00	SP	2018	21406	0,00		2019
19438	0,00	RJ	2017	23905	0,00	SP	2021	20282	0,00	SP	2018	21407	0,00		2019
19439	0,00	RJ	2017	23689	0,00	SP	2021	20182	0,00	SP	2018	21476	0,00		2019
19440	0,00	RJ	2017	23690	0,00	SP	2021	20283	0,00	SP	2018	21477	0,00		2019
19141	0,00	RJ	2017	23691	0,00	SP	2021	20284	0,00	SP	2018	19487	0,00		2017
19142	0,00	RJ	2017	23692	0,00	SP	2021	20285	0,00	SP	2018	19488	0,00		2017
19124	0,00	RJ	2017	23886	0,00	SP	2021	20286	0,00	SP	2018	19489	0,00		2017
19560	0,00	RJ	2017	23887	0,00	SP	2021	20330	0,00	SP	2018	19493	0,00		2017
				22603	0,00	SP	2020	20331	0,00	SP	2018				