

ELIANE GASPARINO

**USO DE FATORES DE PONDERAÇÃO PARA
CARACTERÍSTICAS EM DIFERENTES
MÉTODOS DE SELEÇÃO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2002

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

G249u
2002

Gasparino, Eliane

Uso de fatores de ponderação para características em diferentes métodos de seleção / Eliane Gasparino. – Viçosa : UFV, 2002.
67p. : il.

Orientador: Ricardo Frederico Euclides

Tese (doutorado) – Universidade Federal de Viçosa

1. Animais - Melhoramento genético. 2. Animais - Seleção - Simulação por computador. 3. Animais - Herdabilidade. 4. Animais - Genética - Predição. 5. Genética quantitativa. 6. GENESYS (Programa de computador). I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 19.ed. 636.0824

CDD 20.ed. 636.0824

ELIANE GASPARINO

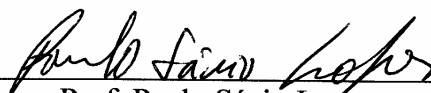
**USO DE FATORES DE PONDERAÇÃO PARA
CARACTERÍSTICAS EM DIFERENTES
MÉTODOS DE SELEÇÃO**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

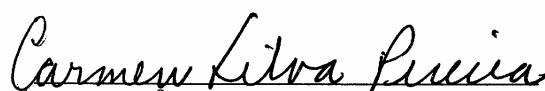
APROVADA: 25 de fevereiro de 2002.



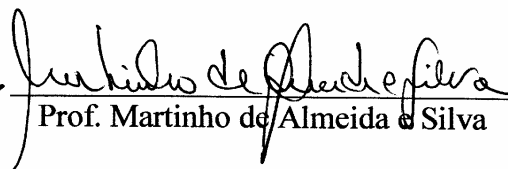
Prof. Robledo de Almeida Torres
(Conselheiro)



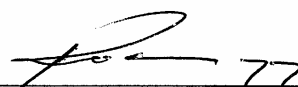
Prof. Paulo Sávio Lopes
(Conselheiro)



Prof.ª Carmen Silva Pereira



Prof. Martinho de Almeida e Silva



Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Orientador)

A os meus filhos J úlia e Eduardo, luzes da minha vida.

A o meu marido, A dhemar.

A os meus pais N adir e J osé.

À minha sogra Dirce e ao meu sogro A dhemar.

À minha irmã Dalgima e aos cunhados I talvací.

A lessandra e Valdir.

A os meus sobrinhos amados A nelis e J oão Pedro.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal de Viçosa, pela oportunidade oferecida.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela bolsa de estudos concedida.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela orientação, pela amizade, pela confiança e pelo apoio.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pela sincera amizade, pela ajuda e pelas sugestões.

À professora Simone Elisa Facionni Guimarães, pelos ensinamentos e pela amizade.

Ao professor Paulo Sávio Lopes, pelo aconselhamento e pelas sugestões.

À professora Rita Flávia Miranda de Oliveira e ao professor Juarez Lopes Donzele, pelo apoio e pela confiança.

À minha grande amiga, Maria Amélia Menck Soares, pela amizade e pelo carinho.

Ao meu marido, Adhemar Rodrigues de O. Neto e à minha preciosa filha, Júlia Gasparino de Oliveira, pelo amor e carinho a mim dedicados.

Aos meus colegas Aldrin, Amauri, Ana Paula, Jaime, Paulo, Policarpo, Ricardo, William, Sandra, Elizângela, Felipe, Fausto e Carlos, pela amizade e pelo maravilhoso convívio.

Aos professores, funcionários e alunos do curso de Zootecnia e dos demais departamentos a ele ligados, pelo agradável convívio.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

CONTEÚDO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Simulação.....	3
2.2. Importância econômica, objetivos e critérios de seleção	6
2.3. Avaliação genética e métodos de seleção.....	12
2.3.1. Índice de seleção	13
2.3.2. Seleção Individual	18
2.3.3. Melhor predição linear não-viesada – BLUP.....	19
3. MATERIAL E MÉTODOS	24
3.1. Simulação do Genoma	24
3.2. Métodos de seleção	26
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
4.1. Resultado do Genoma Simulado	30
4.2. Métodos de seleção.....	32

	Página
4.2.1. Índice de seleção	32
4.2.2. Seleção individual	36
4.2.3. Melhor Predição Linear Não-Viesada – BLUP	39
4.3. Avaliação dos métodos de seleção	42
4.3.1. Ganhos fenotípicos	42
4.3.2. Ganhos e perdas por fixação	49
4.3.3. Limite de seleção	50
5. RESUMO E CONCLUSÕES	56
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60
APÊNDICE	65

RESUMO

GASPARINO, Eliane, D.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2002. **Uso de fatores de ponderação para características em diferentes métodos de seleção.** Orientador: Ricardo Frederico Euclides. Conselheiros: Robledo de Almeida Torres e Paulo Sávio Lopes.

O presente trabalho utilizou dados simulados pelo programa GENESYS, com o objetivo de verificar o efeito das diferentes combinações de fatores de ponderação sobre características de alta, média e baixa herdabilidade, utilizando-se BLUP, seleção individual e índice de seleção. Nesse sentido, foi simulado um genoma constituído de três características quantitativas, governadas por 250 locos por característica, distribuídos em 20 pares de cromossomos de tamanho aleatório. A partir deste genoma, foi simulada uma população-base, constituída de 1.000 animais (500 machos e 500 fêmeas), considerando-se três características, com herdabilidades alta (0,60), média (0,30) e baixa (0,10). Dessa forma, a população inicial foi constituída de 10 machos, 100 fêmeas e 5 filhos/fêmea tomados ao acaso da população. Nesta população iniciou-se o processo de avaliações genéticas, utilizando os três métodos de seleção por 10 gerações de seleção. O processo de seleção foi repetido para cada método 10 vezes, com o propósito de avaliar o efeito da flutuação genética atribuída à amostragem gamética. Foram

avaliadas as combinações de fatores de ponderação para as características de alta, média e baixa herdabilidade: 0,00-0,00-1,00; 0,05-0,05-0,90; 0,10-0,10-0,80; 0,10-0,20-0,70; 0,20-0,30-0,50; e 0,33-0,33-0,34. Os resultados de ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade, obtidos através do índice de seleção, revelou aumento de até 615% quando a seleção focalizou somente essa característica, características; de média e alta herdabilidade apresentaram perdas em seus ganhos fenotípicos de 97 e 92%, respectivamente. As variações observadas para ganhos e perdas por fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis foram relativamente pequenas e atribuídas, possivelmente, às oscilações gênicas. Da mesma forma, a redução na variabilidade genética foi mais acentuada para as combinações estudadas ao final das 10 gerações de seleção. A seleção individual também apresentou acréscimos nos ganhos fenotípicos à medida que maiores valores foram atribuídos às características. Os valores fenotípicos observados foram altos para a característica de baixa herdabilidade quando o BLUP foi utilizado. A maior variação, de 445%, foi verificada entre as combinações 0,10-0,10-0,80 e 0,10-0,20-0,70. O estudo também revelou que grande parte dos ganhos fenotípicos na característica de baixa herdabilidade foi perdida para as demais características apenas pela perda de uma unidade no fator de ponderação para esta característica. Comparando os três métodos de seleção dentro de cada combinação de fatores de ponderação, verificou-se a superioridade do BLUP na maioria dos casos, para todas as características estudadas.

ABSTRACT

GASPARINO, Eliane, D.S., Universidade Federal de Viçosa, February 2002.
Use of weighing factors for traits of different heritabilities in selected populations. Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Committee members: Robledo de Almeida Torres and Paulo Sávio Lopes.

The data simulated by the “Genesys” program in the present study were used to verify the effects from different combinations of the weighing factors on the traits for high, medium and low heritabilities, by using the BLUP, individual selection, and selection index methods. So, a simulation was performed for a genome consisting of three qualitative traits each one governed by 250 loci distributed into 20 pairs of randomly sized chromosomes. A base-population constituted by 1.000 animals (500 males and 500 females) was simulated from this genome, by considering three traits with high (0.60), medium (0.30) and low (0.10) heritabilities. Thus, the initial population consisted of 10 males, 100 females and 5 offsprings/female randomly taken from the population. The genetic evaluation process was began in this population, by using those three selection methods for each 10 selected generations. The selection process was repeated 10 times for each method in order to evaluate the effects of the genetic fluctuations attributed to the gamete sampling. The combinations of the weighing factors, that is, 0.00-

0.00-1.00; 0.05-0.05-0.90; 0.10-0.10-0.80; 0.10-0.20-0.70; 0.20-0.30-0.50, and 0.33-0.33-0.34 were evaluated for the traits of high, medium, and low heritabilities. The results of the phenotypic gains for low heritability, obtained through selection index, showed an increase up to 615% when the selection focused only upon this trait, while the medium and high heritabilities presented losses of 97% and 92% in their phenotypic gains, respectively. The variation observed in the gains and losses by fixation of both favorable and unfavorable alleles were relatively low and probably is due to gene oscillations. After 10 selected generations, a higher reduction occurred in the genetic variability. The individual selection also presented increments in the phenotypic gains as higher values were attributed to the traits. High phenotypic values were observed for low heritability, when using the BLUP method. The highest variation (445%) was found among the combinations 0.10-0.10-0.80 and 0.10-0.20-0.70. This study also showed that a great part of the phenotypic gains in the trait of low heritability was lost for the other traits, just due to a lost unit in the weighing factor for this trait. When comparing those three selection methods within each combination of the weighing factors, the superiority of the BLUP method was shown in most cases for all studied traits.

1. INTRODUÇÃO

O objetivo do melhoramento genético é a obtenção do melhor genótipo possível, capaz de produzir com eficiência máxima no ambiente a que é submetido, permitindo, tanto quanto possível, maior lucro para o criador. Para isso, o melhoramento genético pode ser considerado um processo que envolve a predição dos valores genéticos dos animais de modo que aqueles com genótipos superiores para a característica ou as características a serem melhoradas possam ser identificados.

A predição do valor genético tem sido uma das principais ou, talvez, a principal preocupação do melhoramento, e grande esforço tem sido feito para que sejam obtidas predições mais acuradas.

Ao longo dos anos, vários métodos de seleção foram propostos e aperfeiçoados, como a seleção individual, o índice de seleção e a seleção baseada na melhor predição linear não-viesada (BLUP). Esses métodos buscam prever os valores genéticos de forma precisa e acurada, identificando os melhores animais para uma ou várias características (CORRÊA, 2001).

Apesar de a seleção ser fundamental para o melhorista, o tempo e a necessidade de animais e laboratórios aumentam os custos, tornando-se fatores limitantes no estudo do melhoramento animal, dificultando muitas vezes a

realização de determinados trabalhos de pesquisa. Para contornar esse problema, muitos pesquisadores utilizam técnicas de simulação, que permitem a obtenção de grande volume de dados em curto período de tempo, sem os elevados custos de animais e de laboratórios (CORRÊA, 2001).

Além da predição precisa dos valores genéticos, é fundamental uma definição acurada dos valores econômicos relativos aos caracteres, pois o progresso genético pode ser limitado se muita ênfase for empregada em características pouco importantes.

As importâncias econômicas relativas entre os vários caracteres variam de melhorista para melhorista e também entre os vários segmentos da indústria animal. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi estudar o efeito de diferentes combinações de fatores de ponderação para características de alta, média e baixa herdabilidade em uma população simulada submetida à seleção pelos métodos: índice de seleção, seleção individual e BLUP.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Simulação

Atualmente são muitos os trabalhos envolvendo dados simulados, principalmente nas áreas agrônômica e zootécnica. O avanço tecnológico, associado ao alto custo para aquisição e manutenção de animais em instalações de pesquisa, torna a simulação de dados uma saída atraente, que pode apresentar resultados aceitáveis, sem a necessidade de se manter um experimento por um longo período de tempo.

A técnica de simulação permite a obtenção de grande volume de dados em curto período de tempo, sem os elevados custos de animais e de laboratórios. Esta técnica pode ser usada para gerar informações de animais com curto e, principalmente, com longo intervalo de gerações. No primeiro caso, as simulações são realizadas com o intuito de comparar metodologias utilizando-se dados reais e simulados. Dados simulados devem ser empregados em estudos nos quais haja dificuldade na obtenção de dados reais (CORRÊA, 2001).

A simulação é bastante útil para o entendimento de problemas na área da genética, porém a técnica tem sido também usada para estudos de reprodução e nutrição animal.

Um dos pioneiros no uso da simulação de dados para investigar problemas de genética quantitativa foi FRAZER (1957), que simulou todos os passos da reprodução, incluindo recombinação gamética, fertilização e efeitos fixos de ambiente, realizando seleção baseada no fenótipo dos indivíduos.

TIAN et al. (1999), trabalhando com reprodução de gado de corte, utilizaram simulação por computador para criar um rebanho com 170 vacas em lactação, com o intuito, de estudar o potencial do uso do excedente do rebanho leiteiro para produção de carne, utilizando a transferência de embriões e inseminação artificial. ROBERTSON (1970) utilizou a simulação para avaliar os efeitos das ligações gênicas no limite de seleção, e REEVE (2000), para prever a resposta à seleção a longo prazo.

Atualmente, principalmente em bovinos leiteiros, há menções de programas de melhoramento globalizados ou internacionais, ou seja, com a participação de diferentes países, uma vez que há aumento da capacidade produtiva do macho por intermédio de inseminação artificial. Nesse contexto, a simulação tem sido usada para verificar os benefícios da seleção de animais superiores envolvendo mais de um país (BANOS et al., 1994; GODDARD, 1992).

ORR (1999), estudando a genética evolucionária da adaptação, também utilizou a simulação para avaliar os efeitos da mudança na distribuição dos efeitos mutacionais sobre a adaptação dos organismos, assim como NICHOLAS e ROBERTSON (1980), para avaliar os efeitos e os conflitos provocados pelas seleções natural e artificial.

SATOH et al. (2000) utilizaram o programa Monte Carlo de simulação para comparar a seleção baseada no BLUP e no índice de seleção com informações de família em um rebanho fechado de suínos, considerando duas características sob seleção com herdabilidades de 0,10 e 0,50. Nesse trabalho, os autores concluíram que o índice de seleção com informações de família é capaz de prever os valores dos animais eficientemente, assim como o BLUP. MADALENA e HILL (1992) também utilizaram simulação para comparar a resposta à seleção de uma grande população com uma série de pequenas

populações, parcial ou totalmente isoladas.

WU et al. (2000), trabalhando com o uso de acasalamentos assistidos por marcadores para conservação de animais silvestres em pequenas populações, através da obtenção de descendentes com heterozigose máxima para manutenção da variabilidade genética, utilizaram dados simulados, assim como ZHANG e SMITH (1992) utilizaram a simulação, em nível de genes, em um estudo de seleção assistida por marcadores. Nesse estudo foi simulado um genoma contendo 29 cromossomos, cada um apresentando 100 centimorgans de comprimento, incluindo ainda 100 locos quantitativos com efeitos aditivos e 100 locos marcadores. Com base no genoma simulado, foram geradas populações com o objetivo de comparar a seleção baseada em marcadores, no BLUP e nos dois métodos combinados.

Ainda nesse sentido, EUCLYDES (1996), trabalhando com o sistema GENESYS, simulou dois genomas contendo 50 e 200 marcadores, constituído por uma única característica quantitativa governada por 500 locos quantitativos, para avaliar os desempenhos de métodos de seleção clássico e associados a marcadores moleculares.

FONSECA et al. (2001) também usaram o sistema GENESYS (EUCLYDES, 1996) para verificar o efeito da violação das pressuposições da metodologia de modelos mistos, variâncias genéticas conhecidas sem erros e distribuição dos erros aleatórios sobre os ganhos genéticos obtidos durante 10 gerações de seleção. CARNEIRO (1998) e CARNEIRO (1999) simularam dados para avaliar o efeito de erros de “pedigree” e efeito do grau de conexão dos dados sobre a avaliação genética animal, respectivamente.

A simulação de dados vem sendo muito empregada para avaliação dos métodos de seleção. SORENSEN e KENNEDY (1984), ROBINSON et al. (1989), WOOD et al. (1991), BELONSKY e KENNEDY (1988) e EUCLYDES (1996) trabalharam com populações simuladas para comparar métodos de seleção.

Na comparação de estratégias, para obtenção do BLUP do valor genético de coelhos, executada por Martins (1995), citado por CORRÊA

(2001), foram simuladas populações com base em informações em nível de gene. De acordo com o autor, dados simulados a partir de modelos genéticos, definidos por meio de média e variância genética, isto é, simplificações de modelos em nível de gene, exigem menor esforço computacional. Entretanto, essa simplificação pode alterar possíveis diferenças entre métodos a serem testados em populações, submetidas à seleção por determinado número de gerações.

2.2. Importância econômica, objetivo e critérios de seleção

Os principais fatores para o desenvolvimento de uma produção animal rentável são a produtividade e a qualidade dos produtos. No entanto, a obtenção desses fatores depende da adequada utilização e manipulação das diferenças biológicas encontradas entre os animais, ou seja, da adequada identificação dos animais que apresentam potencial diferenciado mediante as diferentes condições ambientais e de mercado.

A correta definição do objetivo da seleção e, conseqüentemente, da direção do melhoramento é um requisito essencial aos programas de melhoramento genético animal. Uma estratégia de melhoramento sofisticada e bem planejada é irrelevante se ela for embasada em objetivos inadequados. O objetivo da seleção ou do melhoramento pode ser definido como o caráter econômico final sobre o qual se deseja o ganho genético, podendo então ser um caráter único ou uma combinação de caracteres em um agregado. Por outro lado, critérios de seleção representam o caráter ou conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para o caráter objetivo do melhoramento (ROSA-PEREZ e RESENDE, 1999).

A definição do objetivo da seleção depende da correta avaliação do produto de interesse e de informações econômicas dos componentes desse estudo. No entanto, a definição do critério de seleção depende de informações sobre os parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidades, repetibilidades e correlações genéticas e fenotípicas) associados aos caracteres e também das

informações econômicas, notadamente das importâncias econômicas relativas entre os caracteres (ROSA-PERES e RESENDE, 1999). É importante relatar que geralmente os critérios de seleção são variáveis entre os melhoristas, mesmo quando os objetivos do melhoramento são os mesmos. Uma diferenciação formal entre objetivo e critério de seleção foi inicialmente relatada por PONZONI (1979), trabalhando com ovinos. Na definição dos objetivos do melhoramento, duas abordagens podem ser adotadas, de acordo com CARRICK (1992): a abordagem formal, que procura maximizar o retorno econômico; e a abordagem dos ganhos genéticos desejados em cada caráter pelo melhorista. Entretanto, esta última abordagem pode conduzir a um objetivo que não é geneticamente realizável (possível).

O propósito do homem na criação dos animais domésticos é produzir animais que, com o menor custo possível e com o mínimo de gasto de mão-de-obra, forneçam um benefício econômico o mais elevado e o mais duradouro possível. Embora esta deva ser a meta de todos os melhoristas, as características herdáveis e de importância econômica variarão conforme as áreas de produção e os objetivos das instituições de pesquisas e empresas (PEIXOTO, 1986).

Ainda de acordo com PEIXOTO (1986), em condições de clima rigoroso ou de pastagens de valor nutritivo muito baixo, a aptidão para sobreviver pode ser uma das características de maior importância econômica a selecionar, embora essas condições sejam de valor discutível para discriminar entre alto, médio ou baixo potencial de crescimento. Em áreas onde prevaleçam boas condições de alimentação, o elemento mais importante será a obtenção de um nível máximo de produção.

Para que um programa de melhoramento genético seja efetivo, é necessário que a seleção seja feita para características de importância econômica na área ou no país para o qual foi idealizado.

VAN VLECK et al. (1987) comentam que os caracteres de importância econômica em animais podem ser divididos em quatro grupos: caracteres reprodutivos, caracteres produtivos, caracteres de qualidade e caracteres de

tipo. A maioria dos caracteres reprodutivos apresenta herdabilidade baixa, variando de 0 a 15%; grande parte dos caracteres produtivos apresenta valores moderados de herdabilidade, de 20 a 40%; e muitos caracteres de qualidade possuem herdabilidade alta, de 50 a 70%. Isso significa que a maioria (exceto alguns caracteres reprodutivos) dos caracteres pode ser alterada pelo melhorista em benefício da produção animal.

Vários autores comentam que as estimativas de parâmetros genéticos para caracteres reprodutivos são sempre baixas, significando que grande parte da variação da fertilidade e seus componentes têm origem ambiental, causada por manejo, habilidade do inseminador, fertilidade do touro ou do sêmen, alimentação, doenças etc. A pouca variabilidade genética aditiva é explicada pela seleção natural que vem agindo desde a formação das espécies. Dessa forma, a maioria dos genes que governam a fertilidade, por exemplo, deve se encontrar em homozigose (PEIXOTO, 1986).

De maneira geral, segundo CHAGAS (1986), os caracteres produtivos possuem maiores valores econômicos, embora em alguns casos os caracteres reprodutivos e de qualidade possam, também, assumir grande importância econômica. Por outro lado, os caracteres de tipo apresentam baixos valores econômicos.

Como apresentado na Tabela 1, em gado de corte, do ponto de vista comercial, o melhoramento no complexo reprodutivo é pelo menos dez vezes mais importante que o melhoramento nos caracteres de produção; estes, por sua vez, são mais importantes que o melhoramento obtido nos atributos de carcaça (CHAGAS, 1986).

Tabela 1 – Valores econômicos dos fatores de produção em bovinos de corte

Classe	Valor Econômico Relativo	Herdabilidade
Reprodução	20	0,10
Produção	2	0,40
Carcaça	1	0,50

As importâncias econômicas relativas entre os vários caracteres variam de melhorista para melhorista e também entre os vários segmentos da indústria animal.

Nas Tabelas 2, 3 e 4 são apresentadas informações referentes aos principais caracteres em gado de leite, gado de corte e suínos, de acordo com VAN VLECK et al. (1987).

Tabela 2 – Caracteres quantitativos de possível importância econômica em gado de leite

Caracteres	Herdabilidade	Valor Econômico
Produtivos:		
Leite	Moderada	Direto
Gordura	Moderada	Direto
Proteína	Moderada	Direto
Qualidade:		
Gordura (%)	Alta	Indireto
Proteína (%)	Alta	Indireto
Contagem de células somáticas (mastite)	Moderada	Indireto
Reprodutivos:		
Idade ao 1 ^o parto	Baixa	Direto
Serviços por concepção	Muito baixa	Direto
Período de serviço	Muito baixa	Direto
Intervalo entre partos	Baixa	Direto
Dificuldade de parto	Baixa	Direto
Tipo:		
Conformação	Baixa	Indireto

Pode-se observar que em bovinos leiteiros, apesar de possuírem valor econômico direto, os caracteres reprodutivos respondem pouco aos processos seletivos, em razão de suas baixas herdabilidades. Assim, estes caracteres reprodutivos são mais um problema de manejo (ROSA-PEREZ e RESENDE, 1999).

Em gado de corte, além do peso dos animais, as características reprodutivas são de grande importância, uma vez que os bezerros desmamados são o principal produto de interesse. Nesse contexto, a habilidade materna é também muito importante.

Tabela 3 – Caracteres quantitativos de possível importância econômica em gado de corte

Caracteres	Herdabilidade	Valor Econômico
Produtivos:		
Peso ao nascer	Baixa	Indireto
Peso à desmama	Moderada	Direto
Peso ao ano	Moderada	Indireto
Ganho de peso	Moderada	Direto
Peso na idade de comercialização	Moderada	Direto
Peso maduro	Alta	Direto
Qualidade de carcaça:		
Profundidade de gordura	Moderada	Indireto
Área do olho da costela	Alta	Indireto
Rendimento	Moderada	Direto
Marmorização	Moderada	Indireto
Classificação produtiva	Moderada	Direto
Reprodutivos:		
Idade à primeira cria	Baixa	Indireto
Dificuldade de parto	Baixa	Direto
Nascimentos vivos	Baixa	Direto
Intervalo entre partos	Baixa	Indireto
Serviços por concepção	Baixa	Direto
Habilidade Materna	Moderada	Indireto

Tabela 4 – Caracteres quantitativos de possível importância econômica em suínos

Caracteres	Herdabilidade	Valor Econômico
Produtivos		
Peso à desmama	Baixa	Indireto
Peso na idade de comercialização	Moderada	Direto
Qualidade		
Tamanho de leitegada	Baixa	Direto
Leitegadas por parto	Baixa	Direto
Viabilidade	Baixa	Direto
Qualidade		
Profundidade de gordura	Moderada	Indireto
Área do olho do lombo	Alta	Indireto
Rendimento	Moderada	Direto

Em suínos, o caráter de qualidade associado à espessura de toucinho apresenta grande relevância e tem sido melhorado rapidamente, em função da herdabilidade de magnitude favorável. O mesmo acontece com o caráter peso ao abate.

Os valores econômicos relativos a cada característica podem variar de rebanho para rebanho, de região para região, dentro do mesmo rebanho e também quando um programa de melhoramento estiver em progresso, se ocorrerem mudanças na demanda de mercado (HAZEL, 1943).

A designação de valores econômicos relativos não é fácil. As razões para essa dificuldade foram descritas por Yamada et al. (1975), citados por COSTA (1999), como: em algumas características o padrão para designação de valores econômicos relativos não é prontamente obtido, como a conformação corporal; em algumas características, a hipótese de que os valores econômicos permaneçam constantes sobre uma faixa de variação não é atendida; e quando algumas restrições são impostas, os valores econômicos não são tão precisos quanto aqueles do índice de seleção não-restrito. Dificuldades em estabelecer valores econômicos relativos para as características de interesse também foram ressaltadas por LIN em 1992.

Apesar das justificativas da dificuldade de se obterem valores econômicos, a maioria dos trabalhos apresenta, como principal obstáculo, o fato de o lucro calculado variar de acordo com a unidade de seleção usada como base de avaliação (COSTA, 1999).

A lucratividade, de acordo com MOAV e MOAV (1966), em um programa de melhoramento pode ser dividida em dois grupos: aquele relativo ao desempenho reprodutivo da fêmea; e aquele relativo às características de crescimento e carcaça da progênie.

COSTA (1999), trabalhando com suínos, adotou como critério de seleção, para escolha dos melhores indivíduos destinados à reprodução, o índice econômico do indivíduo. HENDERSON (1963) mostrou que o índice é a diferença esperada na progênie (DEP) para todas as características, multiplicada pelos respectivos valores econômicos e somadas.

Os valores genéticos preditos de vários caracteres para cada animal podem, dessa forma, ser utilizados na forma de índices de seleção, em que os valores genéticos preditos são ponderados diretamente pelos pesos econômicos relativos dos vários caracteres. Um exemplo, no Brasil, refere-se ao melhoramento da raça Nelore, em que o mérito genético total é dado por uma equação em que são computados a habilidade materna (peso aos 120 dias), o crescimento pré-desmama (peso aos 240 dias), o peso pós-desmama (peso aos 365/550) e a fertilidade (perímetro escrotal), ponderados pelos seguintes valores econômicos: 0,10; 0,10; 0,50; e 0,30, respectivamente. Nesse caso, os valores genéticos preditos para os vários caracteres foram padronizados através do uso do desvio-padrão genético de cada caráter, previamente à construção dos índices, visando contornar o problema das diferentes escalas dos caracteres. É fundamental uma definição acurada dos valores econômicos relativos aos caracteres, pois o progresso genético pode ser muito limitado se muita ênfase for empregada em caracteres pouco importantes (ROSA-PEREZ e RESENDE, 1999).

As importâncias econômicas relativas entre os vários caracteres variam de melhorista para melhorista e também entre os vários segmentos da indústria animal (ROSA-PEREZ e RESENDE, 1999).

2.3. Avaliação genética e métodos de seleção

O progresso genético está alicerçado na coleta de dados fidedignos, os quais possam ser analisados segundo modelos adequados, visando a geração de informações confiáveis para a tomada de decisão em termos de seleção. Partindo desse princípio, é de fundamental importância para qualquer programa de melhoramento a formação de um banco de dados bem organizado, contendo todas as informações relevantes sobre a espécie em questão (COSTA, 1999).

Na maioria dos casos, os dados utilizados em estudos de melhoramento são referentes a diferentes rebanhos, que por sua vez estão localizados em

diferentes regiões e, portanto, sujeitos a diferentes variações climáticas. Nesse contexto, os dados coletados devem ser ajustados para uma base comum em termos de efeitos ambientais identificáveis, como: nível de manejo, idade dos animais, idade da mãe, sexo do animal, ano e estação em que as observações foram coletadas, entre outros. Esses ajustes são necessários para melhor comparação entre os animais candidatos à seleção, ou seja, uma melhor avaliação genética.

O valor genético de um indivíduo é definido pelos genes e pelas combinações gênicas que ele pode transmitir à descendência; a determinação é efetuada através do fenótipo do próprio animal, de sua prole ou de parentes colaterais. Em qualquer caso, o fenótipo (P) é constituído de uma porção genética (G) e outra referente ao ambiente (A), além do efeito da interação entre eles. O problema fundamental na seleção de reprodutores é obter uma estimativa de G tão perfeita quanto possível, por meio da observação de P, atribuindo a cada indivíduo um valor correspondente (SILVA, 1980; MILAGRES, 1980; ROSA-PEREZ e RESENDE, 1999).

2.3.1. Índice de seleção

Consiste na determinação do valor do animal para cada característica considerada na seleção, separadamente, e para a soma dos valores correspondentes às várias características. Os animais de escores ou “índices” totais mais altos são relacionados em um *rank* e utilizados para reprodução. A influência de cada característica no escore total depende do peso recebido em relação às outras características. O peso dado a cada característica é função do seu valor econômico, da herdabilidade e das correlações genéticas com outras características (MILAGRES, 1980).

O índice de seleção, denotado por I_i (uma estimativa de H_i), para a predição do valor genético aditivo do animal i é:

$$I_i = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$$

em que \mathbf{b}_1 é o peso para a característica \mathbf{X}_1 ; \mathbf{b}_2 é o peso para a característica \mathbf{X}_2 ; e \mathbf{b}_n é o peso para a característica \mathbf{X}_n (VAN VLECK et al., 1987).

O valor genotípico de uma característica \mathbf{X}_i qualquer pode ser decomposto em três componentes:

$$\mathbf{X}_i = \mathbf{g}_i + \mathbf{ng}_i + \mathbf{e}_i$$

em que \mathbf{g}_i = componente genético aditivo possível de ser transmitido de pai para filho; \mathbf{ng}_i = componente genético não-aditivo, constituído de efeitos de dominância e efeitos epistáticos; e \mathbf{e}_i = componente de ambiente.

Como apenas os valores genéticos dos indivíduos são importantes, pois são baseados nos efeitos médios dos genes que têm mais chance de serem transmitidos de geração a geração, pode-se simplificar a equação para dois componentes (EUCLYDES, 1996):

$$\mathbf{X}_i = \mathbf{g}_i + \mathbf{e}_i$$

No caso de seleção para características múltiplas, o valor genético verdadeiro é definido como uma função linear do mérito genético aditivo das características envolvidas na seleção. O valor genético verdadeiro é chamado, neste caso, de agregado genotípico e, por isso:

$$\mathbf{H} = \mathbf{a}_1\mathbf{g}_1 + \mathbf{a}_2\mathbf{g}_2 + \dots + \mathbf{a}_n\mathbf{g}_n$$

em que cada \mathbf{a}_i é uma constante arbitrária, representando, de modo geral, o valor econômico relativo da característica, e \mathbf{g}_i representa o valor genético aditivo da característica \mathbf{i} (SILVA, 1980).

HAZEL (1943) definiu o agregado genotípico como o somatório dos produtos do valor econômico de cada característica pelo seu valor genético:

$$\mathbf{H} = \sum_{i=1}^n \mathbf{a}_i \mathbf{g}_i$$

sendo a_i os pesos econômicos das diferentes i características.

O índice de seleção, definido como função linear de x_i , que será usado para prever os valores genéticos verdadeiros (H) é definido por:

$$I = \sum_{i=1}^n b_i x_i$$

sendo b_i os coeficientes do índice, ou valores, que serão usados para ponderar os valores fenotípicos das características envolvidas e que são calculados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado (r_{HI}).

Os coeficientes do índice, ou da regressão múltipla, que maximizam r_{HI} são definidos pelas seguintes equações:

$$\begin{array}{cccccc} b_1 s_{x_1}^2 & + & b_2 s_{x_1 x_2} & + \cdots + & b_n s_{x_1 x_n} & = & s_{x_1 H} \\ b_1 s_{x_1 x_2}^2 & + & b_2 s_{x_2}^2 & + \cdots + & b_n s_{x_2 x_n} & = & s_{x_2 H} \\ \vdots & & \vdots & & \vdots & & \vdots \\ b_1 s_{x_1 x_n} & + & b_2 s_{x_2 x_n} & + \cdots + & b_n s_{x_n}^2 & = & s_{x_n H} \end{array}$$

em que $s_{x_i}^2$ representa a variância fenotípica da característica x_i ; e $s_{x_i H}$ é a covariância entre a característica x_i e o agregado genotípico H .

Considerando que:

$$\begin{array}{l} s_{x_1 H} = s_{x_1, (a_1 g_1 + a_2 g_2 + \cdots + a_n g_n)} \\ s_{x_1 H} = a_1 s_{x_1 g_1} + a_2 s_{x_1 g_2} + \cdots + a_n s_{x_1 g_n} \\ s_{x_i g_j} = s_{g_i}^2, \text{ " } i = j \text{ e } s_{x_i g_j} = s_{g_i g_j}, \text{ " } i \neq j \end{array}$$

em que $s_{g_i}^2$ representa a variância genética aditiva da característica x_i ; e $s_{g_i g_j}$ é a covariância genética aditiva entre as características x_i e x_j . O lado direito do sistema de equações torna-se igual a:

- maximiza r_{HI} , ou seja, a correlação entre o valor genético verdadeiro (**H**) e o índice de seleção (**I**);

- maximiza a probabilidade de ordenar corretamente o valor genético verdadeiro dos animais; e

- maximiza o valor genético médio do grupo selecionado para reprodução. Dessa forma, ele também maximiza o processo de seleção.

É óbvio que **H** não é conhecido. Entretanto, os métodos estatísticos permitem maximizar r_{HI} e minimizar os erros de predição. Se fosse possível conhecer **H**, então a correlação entre **H** e **I** teria o mesmo valor da soma dos quadrados dos desvios de **H** e **I** pelo menos em termos teóricos, desde que a amostra de animais fosse representativa da população.

As informações de parentes, além da produção própria, são usadas na estimativa de valores genéticos dos indivíduos. As informações de indivíduos aparentados são particularmente importantes quando se trata de características de baixa herdabilidade e na avaliação genética de indivíduos que não produzem grande número de descendentes (MILAGRES, 1980; SILVA, 1980).

As premissas exigidas na construção do índice de seleção são de que:

- os pesos relativos sejam conhecidos sem erro;
- os valores econômicos relativos permaneçam constantes na amplitude de variação das diferentes características;
- os valores econômicos relativos não mudem com o tempo;
- variâncias e covariâncias, tanto fenotípicas como genotípicas, sejam conhecidas sem erro; e
- o índice e o agregado genotípico sejam distribuídos normalmente.

Os valores de ponderação relativos a cada característica no índice de seleção dependem do objetivo da seleção, ou seja, maior relevância será dada àquelas características do índice que despertem maior interesse por parte das instituições de pesquisas e da indústria agropecuária.

Pesquisas realizadas com a finalidade de avaliar a eficiência dos métodos de seleção revelaram, de acordo com QUINTON et al. (1992), que o

índice de seleção com informações de irmãos completos e meios-irmãos, além da própria *performance*, apresentou desempenho semelhante ao do BLUP, desde que alguns fatores sejam controlados, como taxa de endogamia por geração.

ROBINSON et al. (1989), estudando a acurácia das predições obtidas pelo índice de seleção e pelo BLUP em gado de corte, verificaram que o índice de seleção foi menos eficiente que o BLUP por duas razões: derivação das equações na presença de efeitos fixos de ano e estação; e, na análise, o índice de seleção não considerou toda a correlação entre os animais.

Em estudo de simulação, SORENSEN (1987) comparou o BLUP e o índice de seleção com informações de irmãos completos, meios-irmãos e a própria *performance* do animal, além de ajustar os efeitos fixos por meio do método dos quadrados mínimos. Nessas condições, ele constatou que, depois de cinco ciclos de seleção, o ganho genético foi 29% maior quando utilizado o BLUP. O autor comenta que essa diferença é decorrente da inabilidade do índice de seleção de considerar completamente a tendência genética na presença de efeitos fixos, em razão da ausência das informações completas de parentesco.

2.3.2. Seleção individual

É aquela em que o indivíduo é escolhido pelo seu próprio fenótipo, isto é, pelo que exterioriza ou manifesta. Pode ser morfológica, quando se trata de manifestação anatômica (tipo de chifre, altura da cernelha, pelagem etc.), ou fisiológica, quando o fenótipo é atividade fisiológica (produção de leite, carne, ovos etc.).

A seleção fenotípica é falha, na maioria das vezes, sendo a morfológica mais falha do que a fisiológica. Ambas são imprecisas, devido à ação do ambiente em que os animais são criados, além dos efeitos dos próprios genes.

Os dois tipos de seleção fenotípica são falhos, mas a seleção morfológica apresenta outra causa de erro: a falta de correlação entre os

caracteres morfológicos e a produção animal, como, por exemplo, o úbere de uma vaca. Ele deve ser grande, elástico, e rico em tecido secretor, porém a produção de leite depende de hormônios que fazem funcionar o tecido secretor.

A seleção individual é, usualmente, o método mais simples para operar e, em muitas circunstâncias, produz rápida resposta; entretanto, de modo geral, certa medida em um determinado animal é de pouco valor, a menos que seja comparada com medidas de outros animais que viveram nas mesmas condições de ambiente.

Uma boa forma de se apresentar o valor fenotípico de um indivíduo é em termos de percentagem da média de todos os indivíduos do grupo (MILAGRES, 1980).

A resposta à seleção depende basicamente da correlação entre o critério no qual a seleção é baseada e o valor genético animal. O valor fenotípico é bom preditor do valor genético animal quando a característica em questão possui alta herdabilidade. Quando a característica sob seleção possui herdabilidade moderada, ou baixa, preditores que incorporem informações de parentes deveriam ser usados.

QUINTON et al. (1989), em um estudo de simulação que comparava métodos de seleção, mantendo a mesma taxa de endogamia, mostraram que a seleção pelo fenótipo apresentou melhor resposta que o índice de seleção e o BLUP, quando o objetivo foi manter baixa taxa de endogamia (1% por geração).

2.3.3. Melhor Predição Linear Não-Viesada – BLUP

Atualmente, o procedimento-padrão de avaliação genética é o BLUP (Melhor Predição Linear Não-Viesada), o qual, simultaneamente, ajusta os dados para os efeitos ambientais identificáveis e prediz os valores genéticos de todos os animais envolvidos (HENDERSON, 1984).

em que

$\mathbf{0}$ e \mathbf{F} = representam um vetor e uma matriz nulos, respectivamente;

$$\mathbf{G} = \mathbf{A} \mathbf{\ddot{A}} \mathbf{G}_0;$$

\mathbf{A} = matriz dos numeradores dos coeficientes de parentesco entre os indivíduos;

\mathbf{G}_0 = matriz de variâncias e covariâncias genéticas aditivas entre características;

$$\mathbf{R} = \mathbf{I} \mathbf{\ddot{A}} \mathbf{R}_0;$$

\mathbf{I} = matriz identidade; e

\mathbf{R}_0 = matriz de variâncias e covariâncias residuais entre características.

Conforme mostrado em detalhes por MARTINS (1996), a maximização da função densidade de probabilidade conjunta de \mathbf{y} e \mathbf{g} , expressa como um produto entre a função de densidade de probabilidade condicional de \mathbf{y} , dado \mathbf{g} , e a função de probabilidade de \mathbf{g} , em relação a \mathbf{b} e \mathbf{g} , produz equações de modelos mistos apresentadas a seguir:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} \\ \mathbf{e} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} \end{bmatrix} \mathbf{b}^0 + \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{bmatrix} \mathbf{g} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{e} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

cuja solução de \mathbf{b}^0 é obtida pela substituição da primeira equação na segunda, obtendo-se:

$$\mathbf{b}^0 = \left[\mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} \right]^{-1} \begin{bmatrix} \mathbf{e} \\ \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} - \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix}$$

substituindo este resultado na segunda equação, obtém-se o BLUP de g , como a seguir:

$$\hat{\mathbf{g}} = (\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\mathbf{b}^0)$$

Com a metodologia de modelos mistos permite o cálculo da inversa da matriz \mathbf{V} , indiretamente, conforme mostrado por HENDERSON et al. (1959).

$$\mathbf{V}^{-1} = \mathbf{R}^{-1} - \mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1})^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}$$

O esforço de cálculo necessário será menor, uma vez que \mathbf{R}^{-1} é igual a $\mathbf{I} \dot{\mathbf{A}} \mathbf{R}_0$, em que \mathbf{R}_0 possui ordem igual ao número de características, \mathbf{G}^{-1} é igual a $\mathbf{A}^{-1} \dot{\mathbf{A}} \mathbf{G}_0$, sendo \mathbf{G}_0 da mesma ordem de \mathbf{R}_0 , e também pelo fato de HENDERSON (1976) ter estabelecido uma norma simples para a obtenção direta de \mathbf{A}^{-1} .

O procedimento BLUP, portanto, apresenta as seguintes propriedades desejáveis:

- maximização da correlação entre os valores genéticos preditos e os verdadeiros, ou seja, maximização da acurácia seletiva;
- minimização do erro de predição dos valores genéticos;
- maximização da probabilidade de se selecionar o melhor entre vários indivíduos;
- maximização do ganho genético por ciclo de seleção; e
- a predição dos valores genéticos é não-tendenciosa.

O uso dessa metodologia apresenta vantagens práticas adicionais, segundo ROSA-PEREZ e RESENDE (1999), em relação aos métodos de seleção empregados no passado. Uma vez que as soluções para os valores genéticos e efeitos ambientais identificáveis são obtidas simultaneamente, os programas de melhoramento podem se basear em dados obtidos das próprias explorações comerciais, não havendo a necessidade de empregar estruturas

rígidas de experimentação, não requerendo assim a existência de delineamentos experimentais. Essa flexibilidade de aplicação da metodologia propicia o estabelecimento de programas nacionais de melhoramento, em que animais avaliados em diferentes rebanhos e condições ambientais podem ser comparados (CARABANO e DIAS, 1995) e a eficiência do programa de melhoramento pode ser aumentada. Adicionalmente, o uso da matriz de parentesco, além de várias outras atribuições, permite a comparação de indivíduos de diferentes gerações.

Os trabalhos que envolvem comparações entre métodos de seleção apontam na maioria dos casos o BLUP como o procedimento estatístico mais acurado na avaliação genética dos animais.

BELONSKY e KENNEDY (1988), trabalhando com simulação de dados, geraram um rebanho fechado de suínos, com a finalidade de estudar os efeitos dos métodos de seleção no mérito genético, na endogamia e na variância genética. Esses autores concluíram que, para o mérito genético, os maiores ganhos foram verificados com a utilização do BLUP combinado com um descarte adicional (BLUP-C). Para a variância genética, a menor queda da variância foi obtida com a utilização de acasalamentos ao acaso, e a maior foi observada pelo BLUP-C. O BLUP-C também foi o que apresentou maior taxa de endogamia.

ROBINSON et al. (1989), em simulação de seleção e estratégias de acasalamento, avaliaram a acurácia das predições obtidas pelo índice de seleção e pelo BLUP em gado de corte e constataram que o BLUP foi mais eficiente do que o índice de seleção para as características estudadas.

SORENSEN (1987) e ARMERO et al. (1995), comparando o BLUP e o índice de seleção e o BLUP com o índice de família, respectivamente, também constataram a superioridade do BLUP em relação aos outros métodos.

Os resultados de simulação revelam que a máxima resposta à seleção com a utilização do BLUP vem acompanhada de altas taxas de endogamia; se a endogamia não for um fator importante, esse procedimento é o mais recomendado (QUINTON et al., 1992).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Simulação do Genoma

Para simulação dos dados foi utilizado o Programa GENESYS “Genetic System” (EUCYDES, 1996), constituído de nove programas escritos para o compilador FORTRAN, que permite a simulação de genomas de certa complexidade para estudos de avaliações de diferentes métodos de seleção, avaliações de novas metodologias de seleção e testes de pressuposições, além de outras possibilidades (EUCLYDES e GUIMARÃES, 1997).

Neste estudo foi simulado um genoma constituído de três características governadas por 250 locos por característica. Foi considerado neste trabalho um genoma constituído por 20 pares de cromossomos de tamanho aleatório, não sendo considerada a presença de cromossomo sexual. O comprimento total foi de 2.800 centimorgans, e os efeitos aditivos dos locos quantitativos foram simulados segundo a distribuição normal. Os locos quantitativos foram dialélicos e não possuíam desvios de dominância nem interações entre si; as frequências gênicas iniciais para os locos seguiram a distribuição uniforme, com média igual a 0,50 para as três características em estudo. Foi considerado efeito de correlação genética positiva, entre as características de média e alta herdabilidade, em torno de 20%.

A partir dessas informações, foi simulada uma população-base composta de 1.000 animais (500 machos e 500 fêmeas); para as três características em questão foram consideradas as herdabilidades alta (0,60), média (0,30) e baixa (0,10). Dessa forma, a população inicial foi constituída escolhendo-se, de forma aleatória, 10 machos, 100 fêmeas e 5 filhos/fêmea.

A cada geração, os 10 machos e as 10 fêmeas que obtiveram os melhores desempenhos, conforme o método de seleção, foram acasalados ao acaso e produziram 500 descendentes (cinco filhos por acasalamento), os quais, por sua vez, formaram a geração seguinte.

Foram consideradas três características com diferentes valores de herdabilidade, sendo a característica de alta herdabilidade, por exemplo, a característica de carcaça; a de média herdabilidade, uma característica relacionada ao desempenho dos animais; e a de baixa herdabilidade, as características reprodutivas. Além das diferentes herdabilidades, foram considerados fatores de ponderação diferentes para as características, no momento em que os métodos de seleção foram aplicados. Os fatores de ponderação estão apresentados na Tabela 5.

A população simulada foi usada para avaliar os métodos de seleção: índice de seleção (IS), seleção individual (SI) e BLUP durante 10 gerações de seleção. O processo de seleção foi repetido para cada método 10 vezes, com o intuito de avaliar o efeito da oscilação genética devido à amostragem gamética.

Tabela 5 – Fatores de ponderação para características de alta, média e baixa herdabilidade

Herdabilidades		
Alta (0,60)	Média (0,30)	Baixa (0,10)
0,00	0,00	1,00
0,05	0,05	0,90
0,10	0,10	0,80
0,10	0,20	0,70
0,20	0,30	0,50
0,33	0,33	0,34

3.2. Métodos de Seleção

Para formação das gerações seguintes, foram utilizados os métodos de seleção:

- **Índice de seleção:** Os pais da próxima geração foram selecionados segundo um índice que maximizaria o retorno econômico, assumindo que as características envolvidas no índice apresentavam os fatores de ponderação da Tabela 5, que, neste caso, corresponde ao valor econômico da característica. Dessa forma, foram avaliadas diferentes combinações de fatores para cada característica, de maneira a verificar o comportamento do método diante da variação nos valores dados às características com diferentes herdabilidades.

Na construção do índice de seleção cuja solução para os valores de b é dada, em termos matriciais, por:

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1}\mathbf{G}\mathbf{a}$$

procedeu-se da seguinte forma: foram calculadas as matrizes de variâncias e covariâncias genéticas e fenotípicas (\mathbf{P} e \mathbf{G}), com base nos dados da população; a matriz \mathbf{G} foi invertida por método direto; atribuíram-se diferentes valores econômicos às três características em estudo (Tabela 5); e solucionou-se o sistema de equações, obtendo-se os valores de ponderação.

Após a padronização dos valores fenotípicos das características, cujo objetivo foi eliminar os efeitos das diferentes magnitudes dos dados, pela fórmula citada anteriormente no método da seleção individual, calcularam-se os valores do índice de seleção \mathbf{I} , para cada animal \mathbf{j} , da seguinte forma:

$$\mathbf{I}_j = \mathbf{S} \mathbf{b}_k \mathbf{X}_{kj}$$

em que \mathbf{X}_{kj} representava o valor fenotípico da característica \mathbf{k} , medida no indivíduo \mathbf{j} .

Os valores de **I** foram então ordenados do maior para o menor, separadamente, para os machos e para as fêmeas. Os machos que obtiveram os 10 primeiros maiores valores foram selecionados para formarem a próxima geração, por meio do acasalamento com as 100 fêmeas que apresentaram os maiores valores.

Cada índice de seleção foi usado somente por cinco gerações consecutivas. A cada grupo de cinco gerações, novos componentes de variância e de covariância foram estimados para construção de novo índice.

- **Seleção individual**: Neste caso, os pais que formaram a geração seguinte foram selecionados segundo os seus próprios valores fenotípicos. Portanto, para a seleção individual, os fatores de ponderação correspondem aos valores fenotípicos, considerando as características de alta, média e baixa herdabilidade.

A seleção baseada simplesmente no fenótipo dos indivíduos componentes de uma população, também conhecida por seleção massal, foi considerada, neste trabalho, um dos métodos de seleção usados para avaliar as diferentes combinações de fatores de ponderação.

A escolha dos candidatos à reprodução foi baseada num índice (**I_i**) que continha o valor fenotípico padronizado (**X_i**) dessa característica, da seguinte maneira:

$$\mathbf{I}_i = \mathbf{X}_i \quad \text{e} \quad \mathbf{X}_i = (\mathbf{X}_i - \bar{\mathbf{X}}) / \mathbf{s}_x$$

em que X_i representa o valor fenotípico do indivíduo i ; \bar{X} , a média fenotípica para a característica; e σ_x , o desvio-padrão fenotípico para a característica.

Os valores de **I** foram calculados para cada macho e cada fêmea e ordenados de forma descendente. Os 10 primeiros machos e as 100 primeiras fêmeas serão selecionados e acasalados para formarem a próxima geração.

A padronização dos valores fenotípicos foi realizada para corrigir possíveis problemas de escala desses valores. Após a seleção dos reprodutores,

procedeu-se à gametogênese e zigotogênese, obtendo-se assim a população da geração seguinte.

Neste estudo, as características apresentaram importâncias relativas diferentes, tomando os **b** valores como apresentados na Tabela 5.

- Melhor Predição Linear Não-Viesada – BLUP: Os reprodutores foram selecionados segundo suas informações individuais e, também, segundo informações colhidas em seus parentes. Nesse caso, os fatores de ponderação se referem ao valor genético predito do animal.

A metodologia dos modelos mistos (Mixed Model Methodology) foi utilizada para a seleção baseada no BLUP. Foi considerado o seguinte modelo estatístico:

$$\underset{\sim}{\mathbf{y}} = \underset{\sim}{\mathbf{X}} \underset{\sim}{\mathbf{b}} + \underset{\sim}{\mathbf{Z}} \underset{\sim}{\mathbf{g}} + \underset{\sim}{\mathbf{e}}$$

em que, $\underset{\sim}{\mathbf{y}}$ é vetor das observações das características; $\underset{\sim}{\mathbf{X}}$, a matriz de incidência de efeitos fixos; $\underset{\sim}{\mathbf{b}}$, o vetor dos efeitos fixos; $\underset{\sim}{\mathbf{Z}}$, a matriz diagonal de incidência dos valores genéticos, contendo **1** ou **0**, se a característica foi medida ou não no individual; $\underset{\sim}{\mathbf{g}}$, o vetor dos valores genéticos; e $\underset{\sim}{\mathbf{e}}$, o vetor de resíduos. Assumindo que $\underset{\sim}{\mathbf{y}}$, $\underset{\sim}{\mathbf{g}}$ e $\underset{\sim}{\mathbf{e}}$ tenham distribuição normal multivariada, os valores de $\underset{\sim}{\mathbf{b}}$ e $\underset{\sim}{\mathbf{g}}$ foram obtidos pela resolução do sistema de equações:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{b} \\ \mathbf{g} \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{y} \end{pmatrix}$$

3.3. Parâmetros avaliados

Para o estudo do efeito das diferentes combinações de fatores de ponderação aplicados aos métodos de seleção, índice de seleção, seleção individual e BLUP, para as características de alta, média e baixa herdabilidade, foram utilizados os seguintes parâmetros: valor fenotípico, potencial genético, percentagem de locos fixados na direção do alelo favorável e do alelo desfavorável e flutuações gênicas, obtidos pela média dos 10 ciclos de seleção, medidos a cada uma das 10 gerações de seleção.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Resultados do Genoma Simulado

A estrutura genética da população simulada, no que se refere à presença e distribuição dos efeitos para as características de alta, média e baixa herdabilidade, é apresentada na Tabela 6.

As frequências gênicas iniciais apresentam valores próximos de 0,5. Não foram considerados efeitos de dominância e epistáticos. Para o efeito de ambiente foi considerada a distribuição normal e os valores de herdabilidade de 0,60, 0,30 e 0,10.

Na Tabela 7 são apresentadas informações sobre o número e o tamanho dos cromossomos em centimorgans, para as características de alta, média e baixa herdabilidade.

Os valores de parâmetros genéticos, calculados para a população-base, são apresentados na Tabela 8. Foi observada diferença entre os valores médios fenotípicos e genotípicos no processo de simulação da população-base; de acordo com EUCLYDES (1996), essa diferença pode ser causada durante o processo de simulação dos alelos dos locos quantitativos, que se localizam a menos de 5 centimorgans de locos marcadores. O aparecimento de variâncias

Tabela 6 – Estrutura genética da população simulada

Características	Alta herdabilidade	Média herdabilidade	Baixa herdabilidade
Efeito aditivo:			
Distribuição	Normal	Normal	Normal
Alelo – 1:			
Média	0,414	0,400	0,396
Desvio	0,279	0,299	0,304
Mínimo	0,001	0,004	0,001
Máximo	1,456	1,639	1,828
Alelo – 2:			
Média	-0,414	-0,400	-0,396
Desvio	0,279	0,299	0,304
Mínimo	-1,456	-1,639	-1,828
Máximo	-0,001	-0,004	-0,001
Efeito de dominância	Ausente	Ausente	Ausente
Efeito epistático	Ausente	Ausente	Ausente
Frequência gênica inicial:			
Distribuição	Uniforme	Uniforme	Uniforme
Média	0,492	0,506	0,511
Desvio	0,289	0,283	0,284
Mínimo	0,004	0,025	0,007
Máximo	0,996	0,994	0,998
Efeito de ambiente:			
Distribuição	Normal	Normal	Normal
Herdabilidade:			
Valores	0,60	0,30	0,10

Tabela 7 – Distribuição dos genes na população-base

Cromossomo	Tamanho	Alta h^2	Média h^2	Baixa h^2
1	204	18	22	18
2	71	6	6	11
3	149	12	13	16
4	189	24	21	11
5	118	11	13	9
6	233	21	23	26
7	207	27	15	16
8	208	22	19	19
9	169	15	17	16
10	139	17	10	12
11	75	8	9	5
12	68	5	7	8
13	241	23	21	22
14	214	20	18	21
15	83	8	12	4
16	64	6	9	3
17	32	1	5	2
18	186	15	22	16
19	79	6	6	9
20	71	10	7	6
Total	2.800			

Quadro 8 – Valores médios e variâncias dos efeitos fenotípicos, genotípicos e de ambiente e valores teóricos das variâncias aditiva, de dominância e não-genéticas para as características de alta, média e baixa herdabilidade

Características	Alta	Média	Baixa
Herdabilidades	0,60	0,30	0,10
Valores médios:			
Fenotípico	-4,7851	0,7790	0,1785
Genotípico	-4,7720	0,8103	0,2362
Ambiente	-0,0131	-0,0314	-0,0577
Efeitos fixos	0,0192	0,0285	0,0453
Variâncias Observadas:			
Fenotípico	153,7822	351,2505	876,8533
Genotípico	94,5718	116,7887	84,5991
Ambiente	60,6796	232,6628	759,8035
Efeitos fixos	190,3164	416,6301	1057,1775
Variâncias Teóricas:			
Aditiva	91,5073	100,1240	84,5070
Dominância	0,0000	0,0000	0,0000
Não-Genética	3,0645	16,6647	0,0921

não-genéticas, obtidas pelas diferenças entre as variâncias genotípicas, calculada na população, e as variâncias aditivas teóricas, pode ser explicado pelo número diferente de observações nas classes de combinações alélicas (EUCLYDES, 1996).

4.2. Métodos de seleção

4.2.1. Índice de seleção

Os ganhos fenotípicos, para as características de baixa, média e alta herdabilidade, considerando as diferentes combinações de fatores de ponderação, são apresentados na Tabela 9. Os resultados foram obtidos utilizando-se o índice de seleção, tendo como referencial a combinação de fatores, que atribuiu pesos praticamente iguais para todas as características em estudo (0,33-0,33-0,34). Nesse caso, os fatores de ponderação aplicados às características correspondem a seus valores econômicos.

Tabela 9 – Ganhos fenotípicos para características de baixa, média e alta herdabilidade, considerando diferentes combinações de fatores de ponderação, utilizando o índice de seleção

Combinações de Fatores de Ponderação – Escala Real na Ordem Alta – Média – Baixa						
Herdabilidade	0,33-0,33-0,34	0,2-0,3-0,5	0,1-0,2-0,7	0,1-0,1-0,8	0,05-0,05-0,9	0,0-0,0-1,0
Baixa (0,10)	4,00	6,20	11,00	21,60	26,00	28,60
Média (0,30)	33,50	34,60	22,00	20,66	15,66	0,90
Alta (0,60)	39,91	29,00	59,70	25,61	6,900	3,32

Combinações de Fatores de ponderação – Escala ponderada para característica de baixa herdabilidade						
Herdabilidade	0,33-0,33-0,33	0,2-0,3-0,5	0,1-0,2-0,7	0,1-0,1-0,8	0,05-0,05-0,9	0,0-0,-1,0
Baixa (0,10)	100	155	275	540	650	715
Média (0,30)	837	865	550	516	391	22
Alta (0,60)	998	725	1492	640	172	83

Obs.: Os resultados foram discutidos tendo como referência o valor 100 para a característica de baixa herdabilidade.

Os perfis de resposta, considerando todas as combinações de fatores de ponderação, são apresentados na Figura 1, utilizando o índice de seleção para as características de baixa, média e alta herdabilidade.

Os resultados de ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade, obtidos através do índice de seleção, revelaram aumento de 615% quando a seleção focalizou somente essa característica; entretanto, as características de média e alta herdabilidade apresentaram perdas em seus ganhos fenotípicos de 97 e 92%, respectivamente. Esses valores são provavelmente resultado da pequena correlação genética simulada entre as características. Mudanças na eficiência de resposta do índice de seleção, de acordo com SMITH (1983), parecem ser mais dependentes das correlações genéticas entre as características, e mudanças nos pesos econômicos são menos importantes quando as características são favoravelmente correlacionadas.

Considerando as demais combinações de fatores de ponderação, verificou-se redução progressiva com a redução dos valores atribuídos a elas, sendo a maior diferença observada de 265% entre as combinações 0,10-0,10-0,80 e 0,10-0,20-0,70. Esse resultado revela que, se o objetivo da seleção

estiver direcionado para a característica de baixa herdabilidade, a inclusão de outras características no índice para selecionar os animais pode prejudicar de maneira significativa os ganhos na característica alvo. SMITH (1983) concluiu que, se uma característica ou poucas características dominam o índice, a eficiência do índice de seleção pode ter sensíveis perdas com mudanças nos pesos econômicos relativos dessas características. Se houver um balanço entre várias características, então moderadas perdas em eficiência ocorrem quando algumas características são omitidas, ou é dada importância a características não-relevantes.

Os ganhos fenotípicos observados para a característica de média herdabilidade aumentaram com o aumento nos seus pesos econômicos. A característica de alta herdabilidade apresentou comportamento semelhante, sendo verificados aumentos nos ganhos fenotípicos à medida que seus pesos econômicos foram aumentados (Tabela 9 e Figura 1c). Embora os valores atribuídos a esta característica sejam reduzidos quando comparados aos da característica de baixa herdabilidade, verificaram-se, neste estudo, acréscimos substanciais nos ganhos, indicando que características de pouca importância econômica com alta herdabilidade, se utilizadas simultaneamente com outra característica de herdabilidade menor, mesmo esta recebendo peso maior, podem prejudicar a seleção, por reduzirem o ganho em características de maior valor econômico.

ROSA-PEREZ e RESENDE (1999) comentam que é de fundamental importância uma definição acurada dos pesos econômicos relativos aos caracteres, pois o progresso genético pode ser muito limitado se muita ênfase for empregada em características pouco importantes. Erros individuais em pesos econômicos relativos indicam que a magnitude das influências nos ganhos genéticos e as perdas em eficiência relativa do índice de seleção dependem dos valores econômicos e das herdabilidades das características (SMITH, 1983), daí a necessidade de estimar de maneira acurada esses parâmetros.

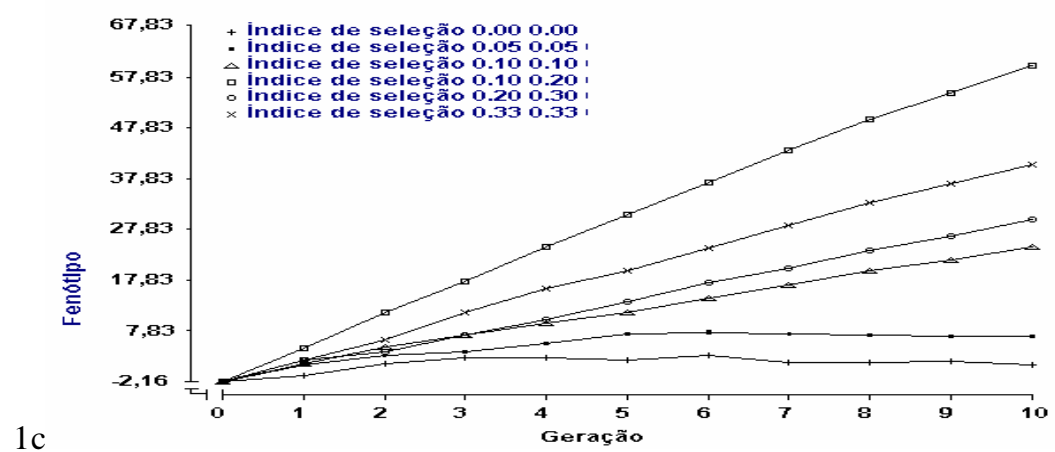
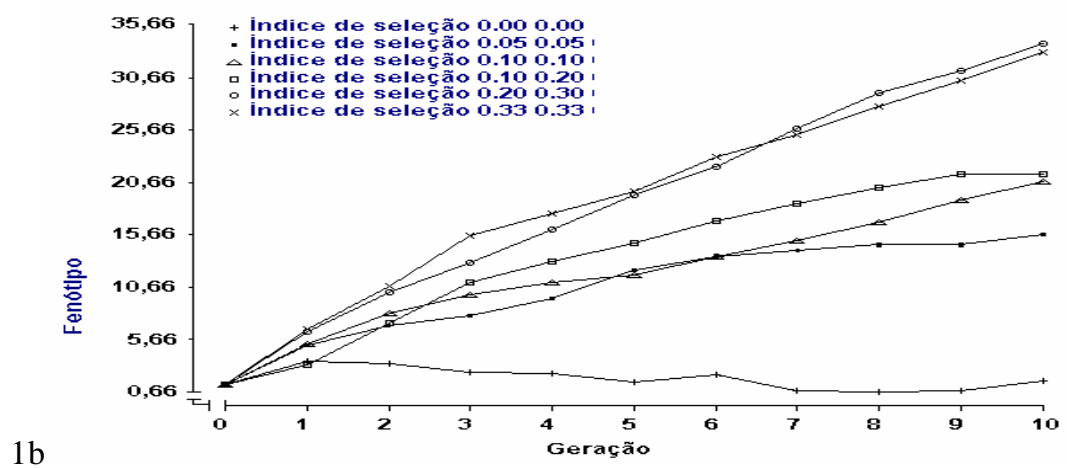
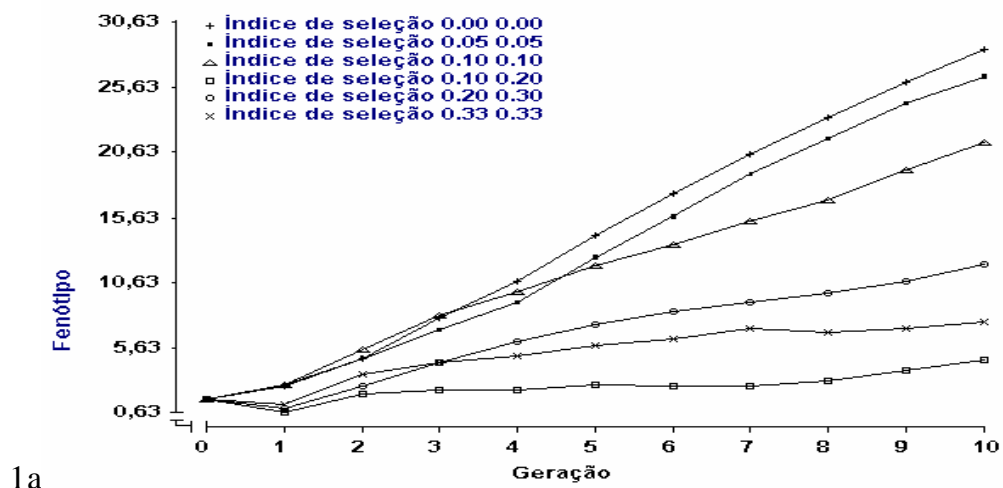


Figura 1 – Valores fenotípicos para diferentes combinações de fatores de ponderação para característica de baixa (1a), média (1b) e alta herdabilidade (1c), utilizando o índice de seleção.

As variações observadas para os ganhos e as perdas por fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis foram relativamente pequenas e atribuídas, possivelmente, às oscilações ao acaso. Tanto para o ganho como para as perdas por fixação, a combinação 0,10-0,20-0,70 foi a que apresentou os maiores valores, e as diferenças observadas nestes parâmetros foram de, aproximadamente, seis e três unidades, respectivamente. Da mesma forma, a redução na variabilidade genética foi mais acentuada para a combinação 0,10-0,20-0,70, embora a diferença total observada tenha sido pequena para todas as características. Os pequenos aumentos observados no coeficiente de homozigose para as três características na combinação 0,10-0,20-0,70 foram causados pela fixação dos locos, os quais, por sua vez, provocaram redução na variância genética aditiva ao final das 10 gerações de seleção.

4.2.2. Seleção individual

Na Tabela 10 são apresentados os resultados da evolução do valor fenotípico durante as 10 gerações de seleção utilizando-se a seleção individual, considerando as combinações de fatores de ponderação estudadas. No caso das avaliações, os fatores de ponderação utilizados para as três características referem-se aos valores fenotípicos das características.

A seleção baseada no fenótipo dos indivíduos, para a característica de baixa herdabilidade, apresentou acréscimo nos ganhos fenotípicos de 120% quando foi utilizada a combinação de fatores 0,00-0,00-1,00, ocorrendo decréscimo nos ganhos com a redução nos valores fenotípicos aplicados para a característica (Tabela 10). A maior diferença encontrada foi entre as combinações 0,20-0,30-0,50 e 0,33-0,33-0,34, que foi de 35%. Entre as demais combinações para a característica de baixa herdabilidade, as diferenças foram reduzidas.

Os valores fenotípicos percentuais verificados para as características de média e alta herdabilidade também apresentaram resposta correlacionada com os valores fenotípicos atribuídos para as características, sendo observado, para

Tabela 10 – Ganhos fenotípicos para características de baixa, média e alta herdabilidade considerando diferentes combinações de fatores de ponderação, utilizando a seleção individual

Combinações de Fatores de Ponderação – Escala Real na Ordem Alta – Média – Baixa						
Herdabilidade	0,33-0,33-0,34	0,2-0,3-0,5	0,1-0,2-0,7	0,1-0,1-0,8	0,05-0,05-,9	0,0-0,0-1,0
Baixa (0,10)	12,8	17,4	22,32	22,3	23,2	28,2
Média (0,30)	30	25	20,3	12,4	7,35	2,35
Alta (0,60)	32	16,9	8,5	7	2	-2,16

Combinações de Fatores de Ponderação – Escala Ponderada para Característica de Baixa Herdabilidade						
Herdabilidade	0,33-0,33-0,34	0,2-0,3-0,5	0,1-0,2-0,7	0,1-0,1-0,8	0,05-0,05-,9	0,0-0,0-1,0
Baixa (0,10)	100	135	174	174	181	220
Média (0,30)	234	195	158	97	57	18
Alta (0,60)	280	132	66	55	15	-17

Obs.: Os resultados foram discutidos tendo como base o valor 100 para as características de baixa herdabilidade.

característica de média herdabilidade, maior variação entre as combinações 0,10-0,20-0,70 e 0,20-0,30-0,50, de 37% aproximadamente. Para a característica de alta herdabilidade, verificou-se grande aumento quando ela recebeu valores fenotípicos iguais aos das demais características (0,33-0,33-0,34), em relação à combinação 0,20-0,30-0,50.

A amplitude de resposta obtida utilizando-se a seleção individual para todas as combinações de fatores de ponderação estudados, para as características de baixa, média e alta herdabilidade, é apresentada na Figura 2.

A fixação de um alelo ocorre, segundo FALCONER (1981), quando este atinge frequência igual a 1 em uma determinada linha. No presente estudo, todas as combinações de fatores de ponderação apresentaram ganhos e perdas por fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis muito próximos e em escala muito pequena, não causando redução significativa na variância genética aditiva. Dessa maneira, não foram verificadas alterações no coeficiente de homozigose para as características avaliadas por meio da seleção individual.

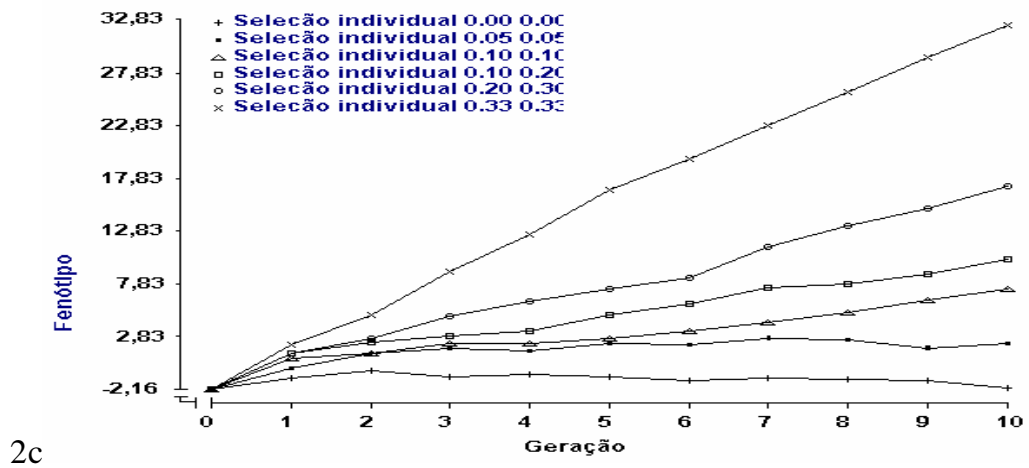
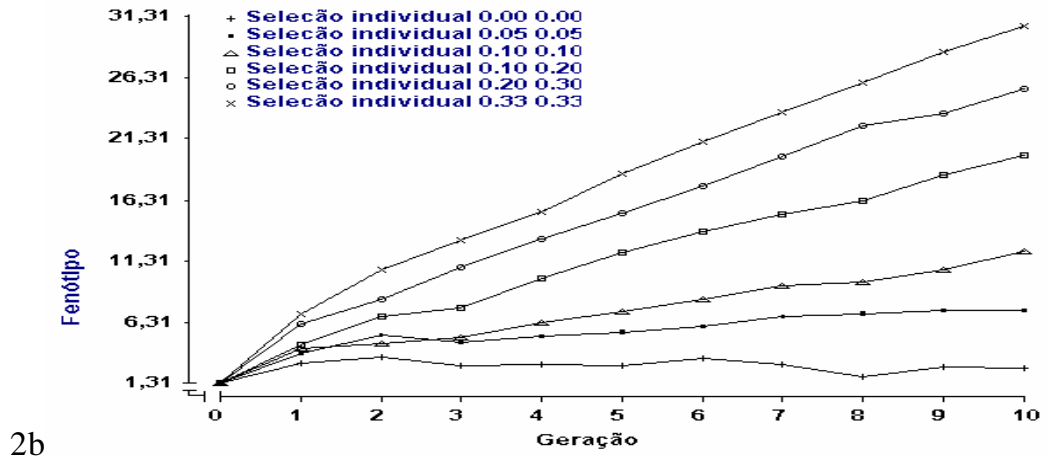
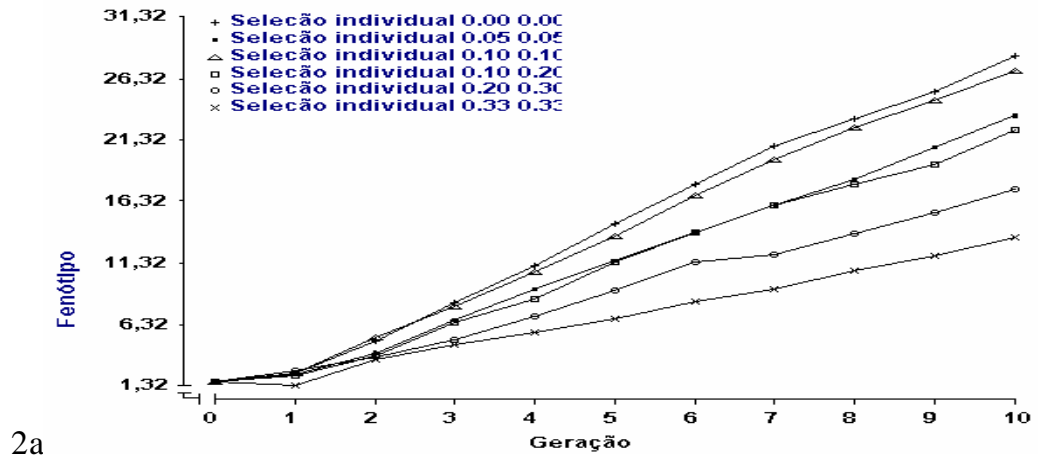


Figura 2 – Valores fenotípicos para diferentes combinações de fatores de ponderação para características de baixa (2a), média (2b) e alta herdabilidade (2c), utilizando a seleção individual.

4.2.3. BLUP (Melhor Predição Linear Não-Viesada)

Os resultados dos ganhos fenotípicos para características de baixa, média e alta herdabilidade, utilizando o BLUP, são apresentados na Tabela 11. Utilizando esta metodologia, as diferentes combinações de fatores de ponderação correspondem ao valor genético do animal.

Tabela 11 – Ganhos fenotípicos para características de baixa, média e alta herdabilidade considerando diferentes combinações de fatores de ponderação, utilizando o BLUP

Combinações de Fatores de Ponderação – Escala Real e na Ordem Alta – Média – Baixa						
Herdabilidade	0,33-0,33-0,34	0,2-0,3-0,5	0,1-0,2-0,7	0,1-0,1-0,8	0,05-0,05-0,9	0,0-0,0-1,0
Baixa (0,10)	2	11,9	18	26,9	31,8	31,8
Média (0,30)	37	37	31,7	24,7	9,9	6,7
Alta (0,60)	52,8	47,8	32,8	27,8	12,9	6,9

Combinações de Fatores de Ponderação – Escala Ponderada para a Característica de Baixa Herdabilidade						
Herdabilidade	0,33-0,33-0,34	0,2-0,3-0,5	0,1-0,2-0,7	0,1-0,1-0,8	0,05-0,05-0,9	0,0-0,0-1,0
Baixa (0,10)	100	595	900	1345	1590	1590
Média (0,30)	1850	1850	1585	1235	495	335
Alta (0,60)	2640	2390	1640	1390	645	345

Obs: Os resultados foram discutidos tendo como base o valor 100 para a característica de baixa herdabilidade.

Os valores fenotípicos observados foram extremamente altos para a característica de baixa herdabilidade; as combinações de fatores de ponderação 0,00-0,00-1,00 e 0,05-0,05-0,90 apresentaram valores iguais a 1.490%, tendo como referência a combinação 0,33-0,33-0,34. A maior variação foi verificada entre as combinações 0,10-0,10-0,80 e 0,10-0,20-0,70, que foi de 445%, revelando que grande parte dos ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade seria perdida para as demais características apenas pela perda de uma unidade no fator de ponderação para esta característica.

Considerando as características de média e alta herdabilidade, verificaram-se aumentos nos ganhos fenotípicos de acordo com aumentos nos fatores de ponderação (Tabela 11).

Na Figura 3 são apresentados os resultados para todas as combinações estudadas, utilizando-se o BLUP.

Quanto a ganhos e perdas por fixação, foram observados resultados bastante semelhantes entre as combinações, sendo verificada redução média de 15 unidades devido às perdas por fixação de alelos desfavoráveis, para as três características estudadas. Esse valor é relativamente pequeno, podendo ser atribuído principalmente às variações ao acaso. A redução, portanto, na variância genética aditiva, por sua vez, também foi reduzida, em torno de 30 unidades, durante as gerações de seleção. Os valores apresentados, possivelmente, seriam maiores se mais gerações de seleção fossem consideradas, porque, independentemente da combinação utilizada, essa metodologia tende a reduzir a variância genética com o passar das gerações, em razão da capacidade do método em escolher os melhores indivíduos destinados à reprodução, podendo selecionar indivíduos aparentados.

O BLUP através do uso da metodologia de modelos mistos é o procedimento-padrão para as avaliações genéticas (HENDERSON, 1990). Por considerar o parentesco entre os indivíduos candidatos à seleção, além das informações do próprio indivíduo, este procedimento é bastante útil para avaliação de características de baixa herdabilidade; dessa maneira, a eficiência do BLUP e o maior peso dado, para característica de baixa herdabilidade, à resposta em termos de ganhos fenotípicos, durante as 10 gerações de seleção, foram bastante elevados neste estudo. MARTINS (1995), utilizando dados simulados de uma população de coelhos, também verificou aumentos significativos em características reprodutivas, representada aqui pela característica de baixa herdabilidade, pela utilização do BLUP com restrições de algumas informações de parentesco.

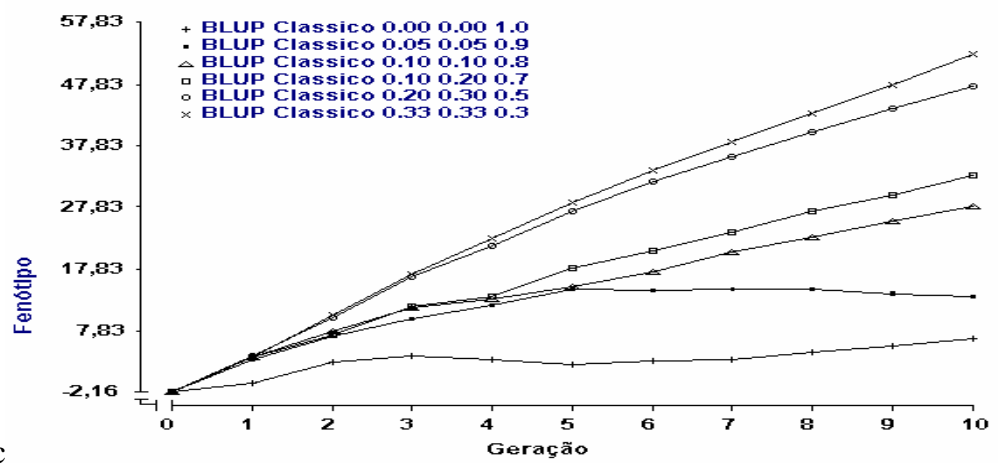
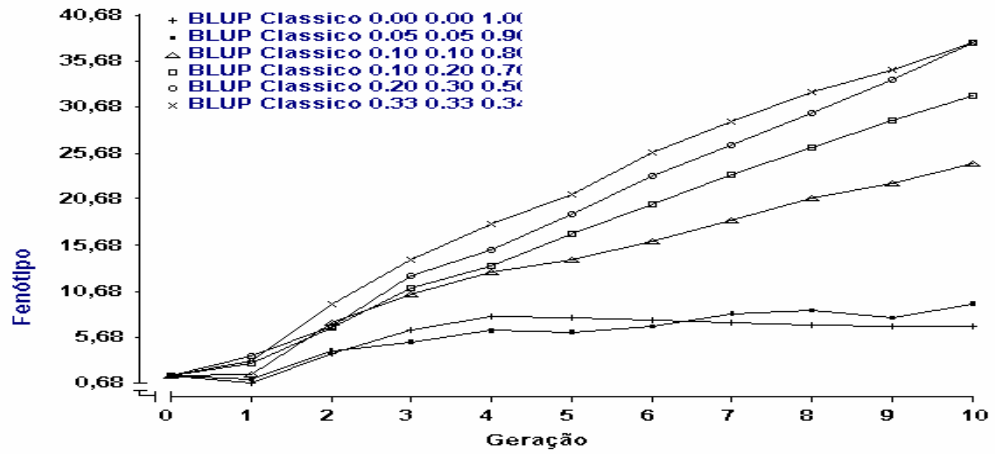
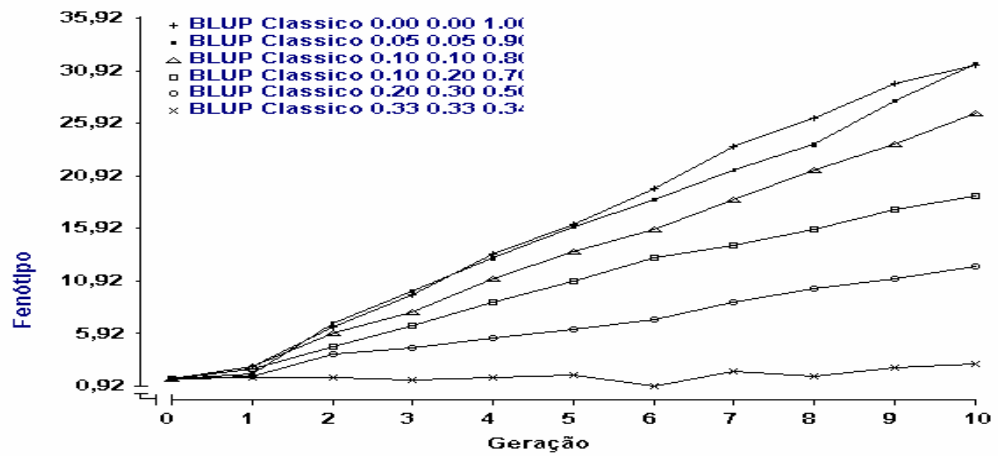


Figura 3 – Valores fenotípicos para diferentes combinações de fatores de ponderação para características de alta (3a), média (3b) e baixa herdabilidade (3c), utilizando o BLUP.

De maneira geral, os pesquisadores apontam essa metodologia como a mais eficiente para as avaliações genéticas (MARTINS, 1994; HENDERSON, 1990; ROBINSON et al., 1989).

4.3. Avaliação dos métodos de seleção

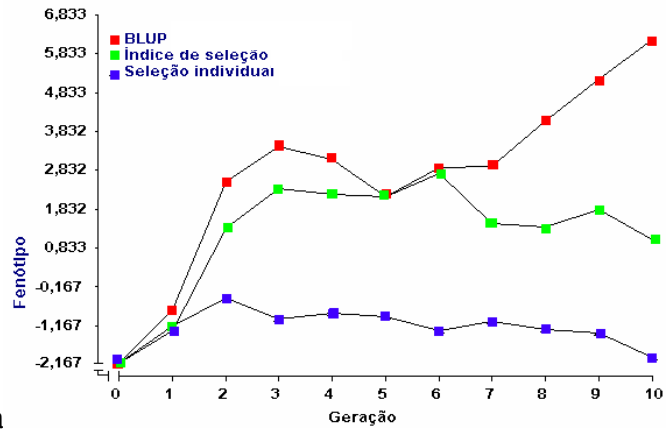
4.3.1. Ganhos fenotípicos

Os resultados de ganhos fenotípicos observados, utilizando-se índice de seleção, seleção individual e BLUP para as características de alta, média e alta herdabilidade, considerando algumas das diferentes combinações de fatores de ponderação, são apresentados nas Figuras 4 a 7.

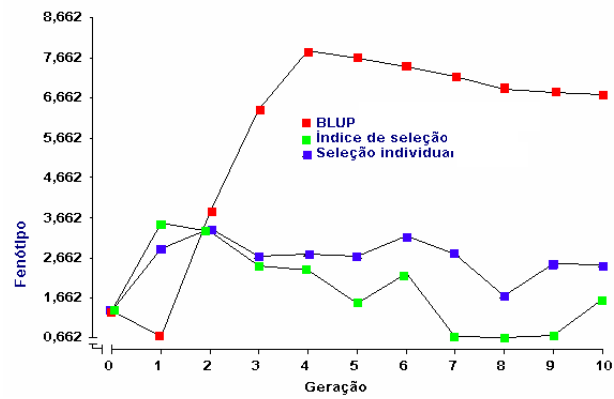
Na Figura 4 são apresentados os resultados da evolução durante 10 gerações dos três métodos de seleção estudados para a combinação 0,0-0,0-1,0 para as características em estudo. Nessas condições o BLUP apresentou maiores ganhos fenotípicos para as três características, talvez pelo poder desse método na escolha dos melhores indivíduos destinados à reprodução. Entre o índice de seleção e a seleção individual praticamente não foi observada diferença quanto aos ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade (Figura 4c).

As características de alta e média herdabilidade, nos procedimentos estudados para a combinação 0,0-0,0-1,0, apresentaram, como era esperado, ganhos fenotípicos reduzidos, uma vez que não foram atribuídos pesos econômicos a elas, que no presente trabalho são interpretadas como características de carcaça e desempenho, respectivamente (Figura 4a, b). Entretanto, o BLUP promoveu acréscimo de 6,3 unidades de ganho fenotípico na quarta geração de seleção para a característica de média herdabilidade, ocorrendo um salto da primeira para a quarta geração de seleção (Figura 4b).

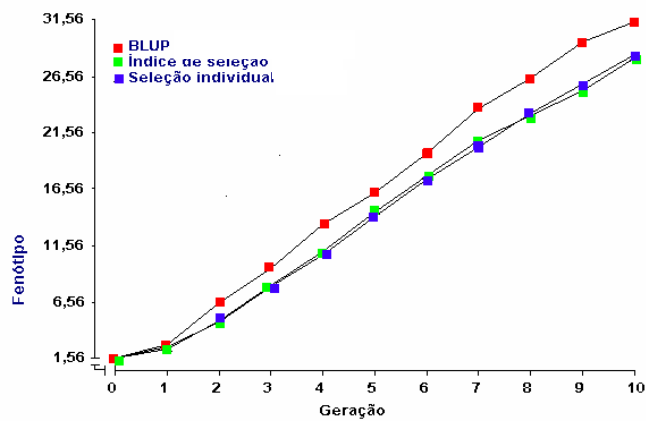
Considerando as 10 gerações de seleção, o BLUP foi superior também quando foi utilizada a combinação 0,05-0,05-0,9 para características de alta, média e baixa herdabilidade. Em se tratando da característica de média



4a



4b



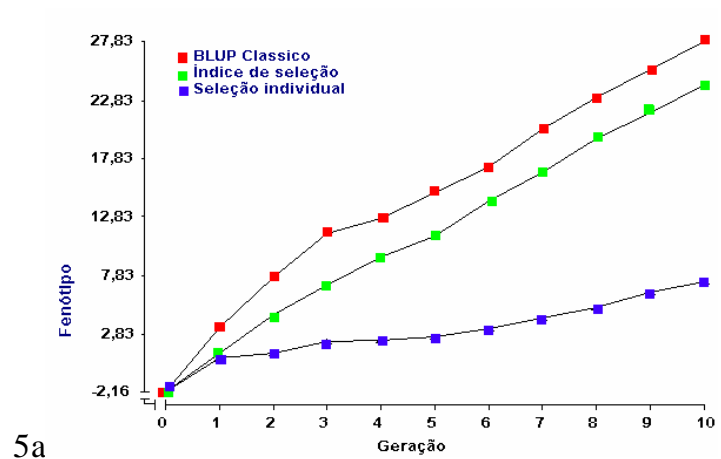
4c

Figura 4 – Ganhos fenotípicos para a combinação de fatores de ponderação 0,00-0,00-1,00 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção, BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (4a), média (4b) e baixa herdabilidade (4c).

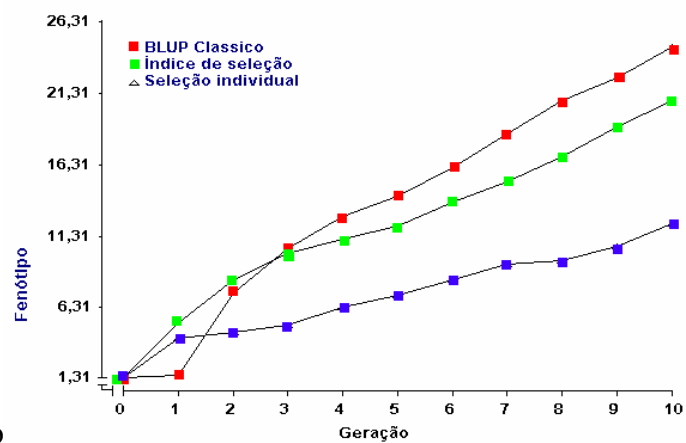
herdabilidade, o método que apresentou maiores ganhos fenotípicos foi o índice de seleção, seguido por BLUP e seleção individual. Em estudo com dados simulados, BELONSKY e KENNEDY (1988) compararam a seleção individual e o BLUP em características de baixa, média e alta herdabilidade e verificaram que o BLUP apresentava melhores resultados que a seleção individual e que a diferença entre os métodos diminuía com o aumento da herdabilidade.

Quando o fator de ponderação para a característica de baixa herdabilidade foi reduzido de 1,0 para 0,8, não foram observadas reduções drásticas nos ganhos fenotípicos através dos métodos de seleção utilizados, porém o aumento de 0,0 para 0,1 nos fatores de ponderação, para as características de média e alta herdabilidade, representou ganhos fenotípicos significativos (Figura 5).

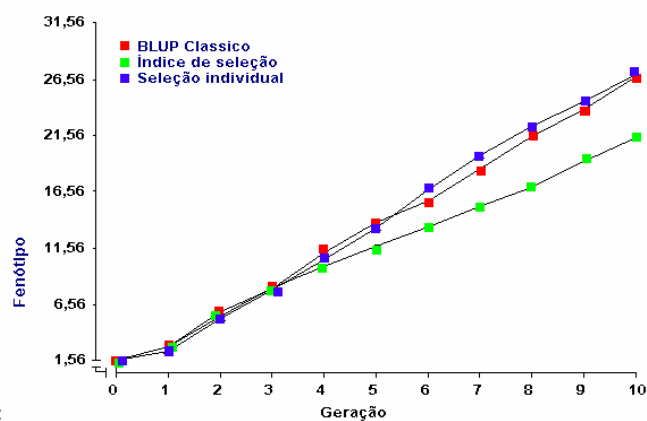
Para a combinação 0,10-0,20-0,70, a seleção individual obteve maiores ganhos fenotípicos, atingindo 22,63 unidades de ganhos para a característica de baixa herdabilidade. O índice de seleção apresentou os menores ganhos fenotípicos ao longo das 10 gerações de seleção simuladas para a característica de baixa herdabilidade, em relação aos demais métodos avaliados (Figura 6c). Para a característica de média herdabilidade, o BLUP proporcionou aumento de 31,6 unidades nos ganhos fenotípicos (Figura 6b). Já para a característica de alta herdabilidade o índice de seleção foi mais eficiente, seguido pelo BLUP e pela seleção individual (Figura 6a). ORR (1999), utilizando informações de estações de teste de suínos, concluíram que o BLUP foi mais eficiente que a seleção baseada simplesmente no fenótipo dos indivíduos. Aparentemente, o BLUP é capaz de localizar indivíduos portadores de locos quantitativos importantes e fixá-los nos alelos favoráveis. No entanto, durante a fixação dos alelos de grandes valores fenotípicos ocorrem perdas por fixação de alelos desfavoráveis de locos de menor importância, mas que juntos possuem grande valor (EUCLYDES, 1996).



5a



5b



5c

Figura 5 – Ganhos fenotípicos para a combinação de fatores de ponderação 0,10-0,10-0,80 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção, BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (5a), média (5b) e baixa herdabilidade (5c).

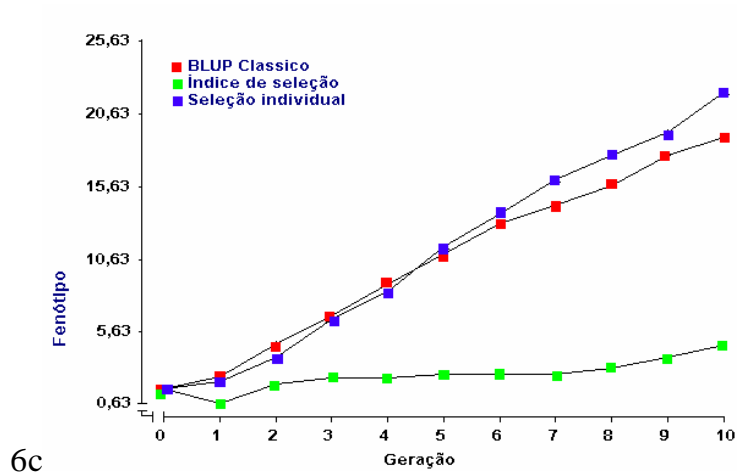
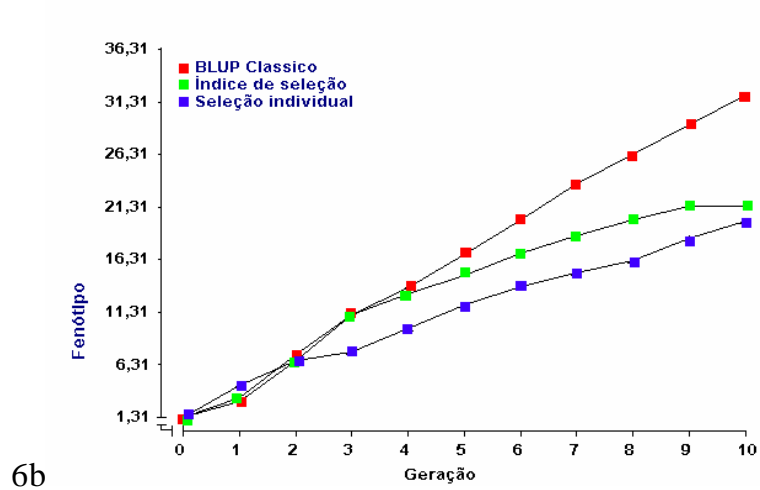
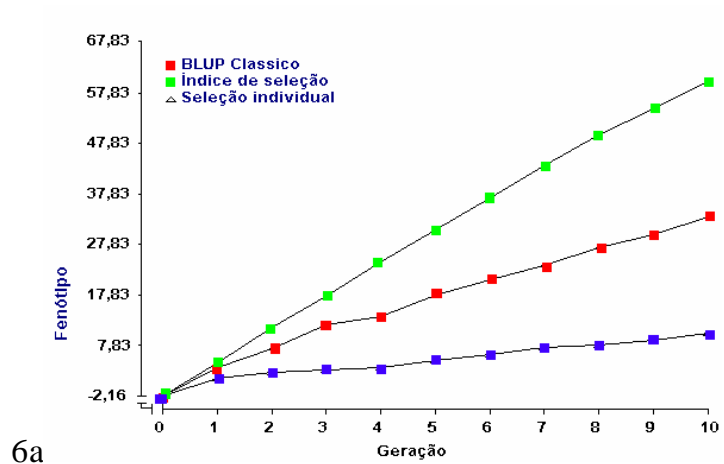
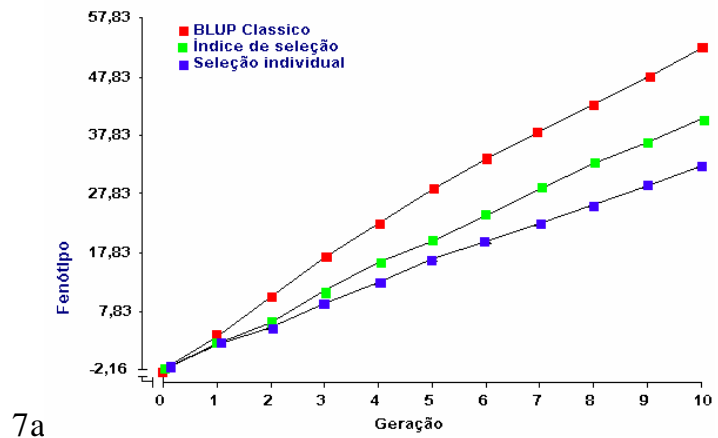


Figura 6 – Ganhos fenotípicos para a combinação de fatores de ponderação 0,10-0,20-0,70 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção, BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (6a), média (6b) e baixa herdabilidade (6c).

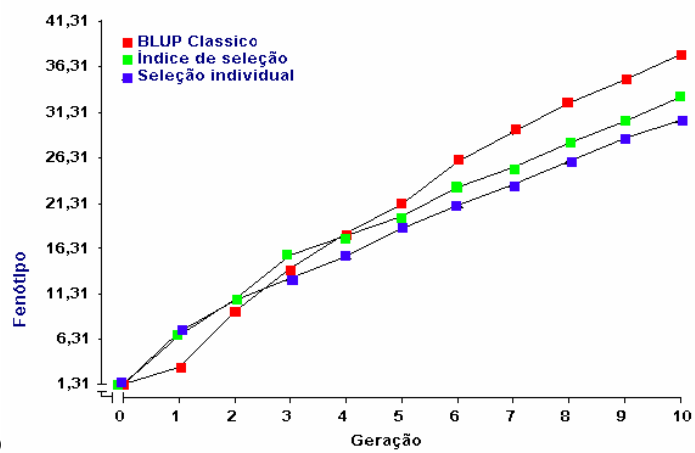
Comparando o desempenho dos três métodos de seleção para a combinação 0,2-0,3-0,5, observou-se que a seleção individual apresentou maiores ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade, tendo o índice de seleção e o BLUP se comportado de maneira similar, produzindo aumento de 11,3 unidades no ganho fenotípico. Para a característica de média herdabilidade verificou-se aumento de 37,3 unidades no ganho fenotípico pelo uso do BLUP. Valores inferiores foram observados para o índice de seleção e a seleção individual no decorrer das 10 gerações de seleção. O mesmo comportamento foi apresentado para a característica de alta herdabilidade considerando o BLUP, o índice de seleção e a seleção individual. Com dados oriundos da criação de suínos SORENSEN (1987) comparou a acurácia na predição de desempenho da progênie futura entre o BLUP e o índice de seleção e concluíram que o método mais eficiente foi o BLUP.

Quando fatores de ponderação iguais foram aplicados às características de alta, média e baixa herdabilidade (0,33-0,33-0,33), a seleção individual apresentou ganhos fenotípicos maiores que os demais métodos (12,0 unidades), quando considerada a característica de baixa herdabilidade. Para a característica de média herdabilidade os três métodos de seleção apresentaram ganhos similares, tendo o BLUP alcançado 35,0 unidades de ganhos fenotípicos (Figura 7b). Da mesma forma, para característica de alta herdabilidade, o BLUP foi o método mais eficiente, seguido pelo índice de seleção e pela seleção individual, durante as 10 gerações de seleção (Figura 7a).

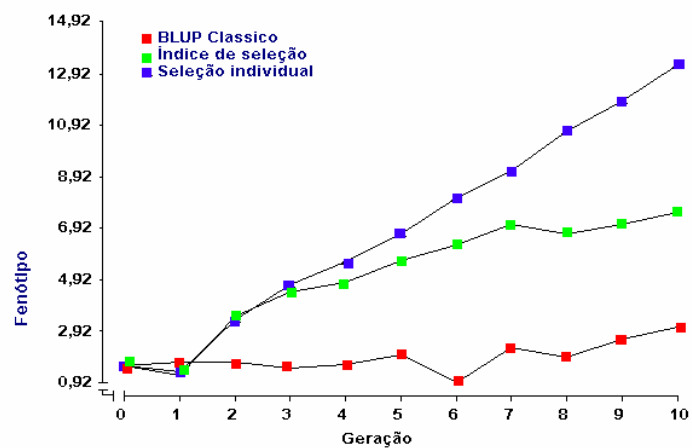
Quanto menor a herdabilidade da característica avaliada, maior é o efeito do ambiente sobre ela; portanto, os métodos que consideram, além do desempenho do animal, o da sua família tendem a ser os mais eficientes. O melhor desempenho do BLUP nas primeiras gerações, de acordo com EUCLYDES (1996), provoca aumento acentuado na endogamia e, conseqüentemente, da homozigose, sendo penalizada por decréscimo acentuado na variância genética aditiva, que por sua vez resulta em menores ganhos fenotípicos quando mais gerações são computadas.



7a



7b



7c

Figura 7 – Ganhos fenotípicos para a combinação de fatores de ponderação 0,33-0,33-0,33 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção, BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (7a), média (7b) e baixa herdabilidade (7c).

4.4.2. Ganhos e perdas por fixação

São considerados ganhos e perdas genéticos por fixação quando locos com alelos favoráveis e desfavoráveis são fixados, ou seja, alcançam a frequência igual a 1, respectivamente (EUCLYDES, 1996).

Os ganhos por fixação obtidos para a combinação de fatores de ponderação 0,00-0,00-1,00, para as características de alta, média e baixa herdabilidade, utilizando-se o BLUP, foram maiores para as características em estudo. O índice de seleção foi inferior à seleção individual para as características de alta e média herdabilidade e apresentou comportamento semelhante ao da seleção individual para a característica de baixa até a sexta geração de seleção, quando superou a seleção individual.

No que se refere aos ganhos por fixação observados com a utilização de índice de seleção, BLUP e seleção individual, para as combinações de fatores de ponderação 0,05-0,05-0,90 e 0,10-0,10-0,80, em se tratando da característica de alta herdabilidade, tanto o BLUP como o índice de seleção apresentaram ganhos similares quando o valor de ponderação foi igual a 0,10. Entretanto, para a combinação 0,20-0,30-0,5, considerando a característica de alta herdabilidade, os resultados obtidos com o índice de seleção e a seleção individual foram praticamente iguais, sendo ainda o BLUP o método que apresentou melhores resultados.

Os estudos de ganhos e perdas genéticas permanentes mostram o poder de cada dos procedimentos de seleção em localizar locos quantitativos importantes (EUCLYDES, 1996). Por intermédio dos resultados encontrados, o BLUP foi o método mais eficiente na fixação de alelos favoráveis. EUCLYDES (1996), trabalhando com dados simulados, observou que para as primeiras 10 gerações de seleção o método baseado em marcadores moleculares apresentou melhores resultados, seguido pelo BLUP, pelo BLUP modificado, pela seleção individual associada a marcadores e, por último, pela seleção individual. Observou-se também que, a partir da 15^a geração de seleção até a 75^a, o BLUP apresentou maiores ganhos permanentes, porém na

100^a geração a seleção individual foi a melhor.

Da mesma maneira, as perdas por fixação foram mais acentuadas para o BLUP levando-se em conta as diferentes combinações de fatores de ponderação, seguido pela seleção individual para as combinações 0,00-0,00-1,00 e 0,05-0,05-0,90, considerando a característica de alta herdabilidade. Para as demais combinações de fatores de ponderação, o índice de seleção foi o método que promoveu as maiores perdas depois do BLUP. Para a característica de alta herdabilidade nas combinações 0,20-0,30-0,50 e 0,33-0,33-0,34, o índice de seleção e a seleção individual apresentaram praticamente o mesmo comportamento, assim como para a característica de baixa herdabilidade na combinação 0,33-0,33-0,34.

A alteração observada entre o índice de seleção e a seleção individual está provavelmente associada à endogamia, produzida pelos diferentes métodos de seleção estudados. O coeficiente de endogamia é um bom indicador da probabilidade de fixação de locos, isto é, o aumento no coeficiente de endogamia traz como consequência maior probabilidade de fixação de locos (FALCONER, 1981).

4.4.3. Limite de seleção

Quando a seleção é praticada por muito tempo, a resposta à seleção tende a diminuir na mesma proporção em que os métodos de seleção se tornam mais eficientes em determinar os melhores indivíduos destinados à reprodução, aproximando assim o limite de seleção em populações submetidas a esses métodos. Portanto, como foi observado neste trabalho e em diversos trabalhos sobre métodos de seleção, o BLUP proporciona maiores ganhos e, portanto, maiores perdas na variância genética, tornando conseqüentemente mais lenta a resposta à seleção no decorrer das gerações. Nas Figuras 8 a 11 são apresentados os valores de limite de seleção para as diferentes combinações de fatores de ponderação estudadas, considerando as características de alta, média e baixa herdabilidade.

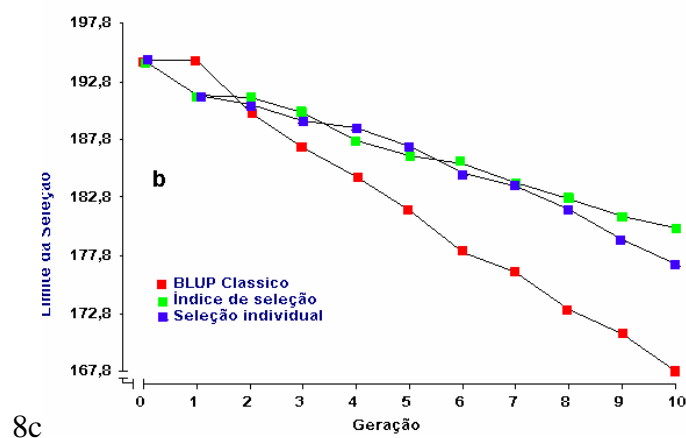
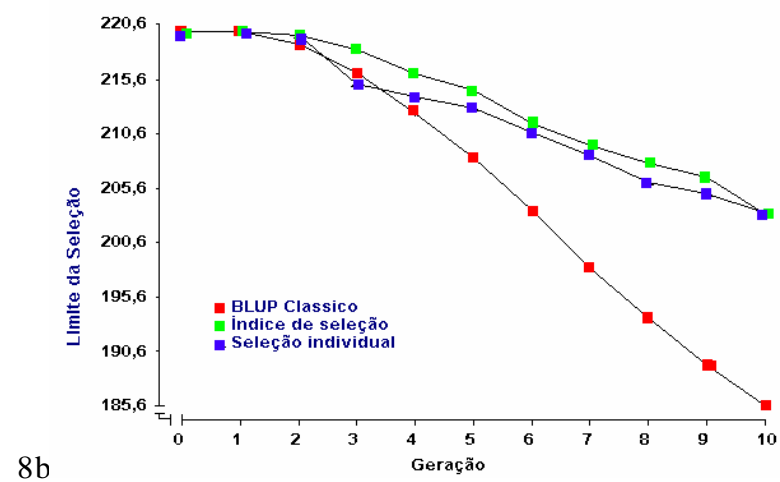
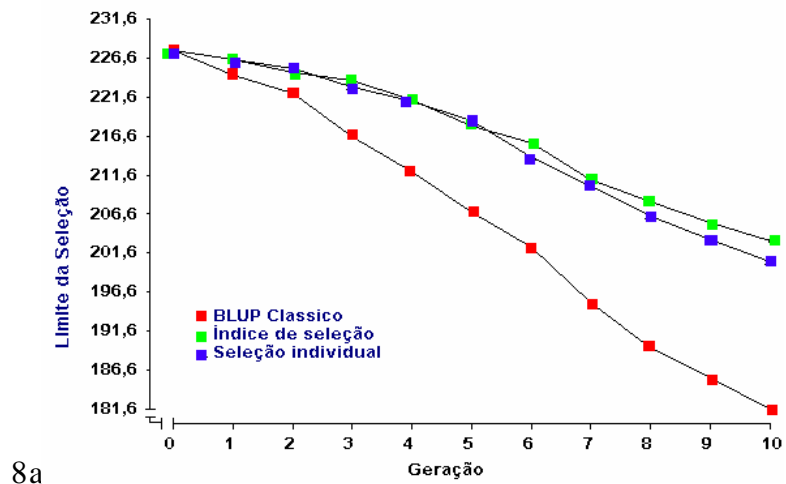
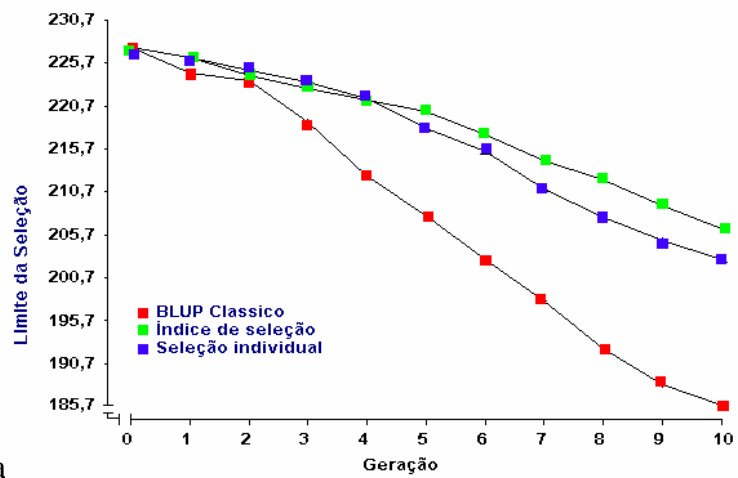
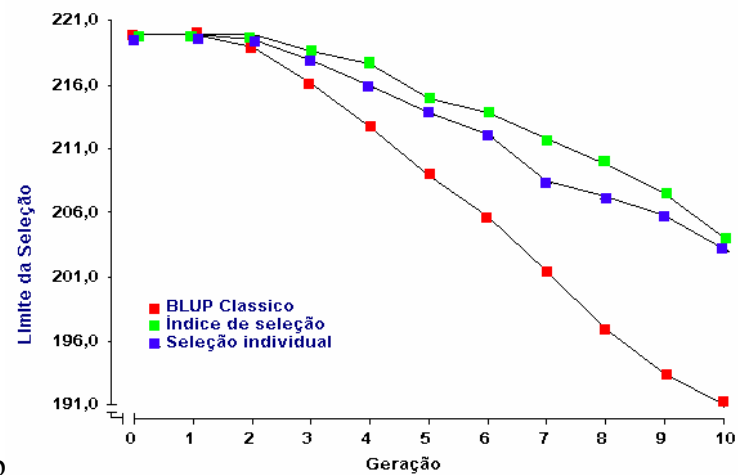


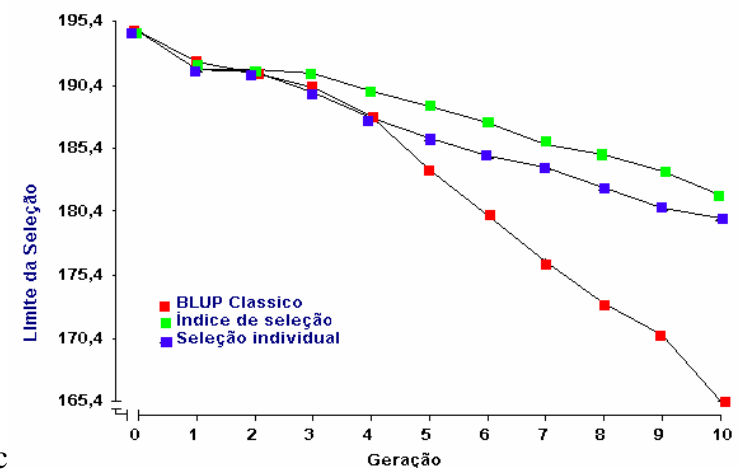
Figura 8 – Limite de seleção para combinações de fatores de ponderação 0,00-0,00-1,00 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (8a), média (8b) e baixa herdabilidade (8c).



9a

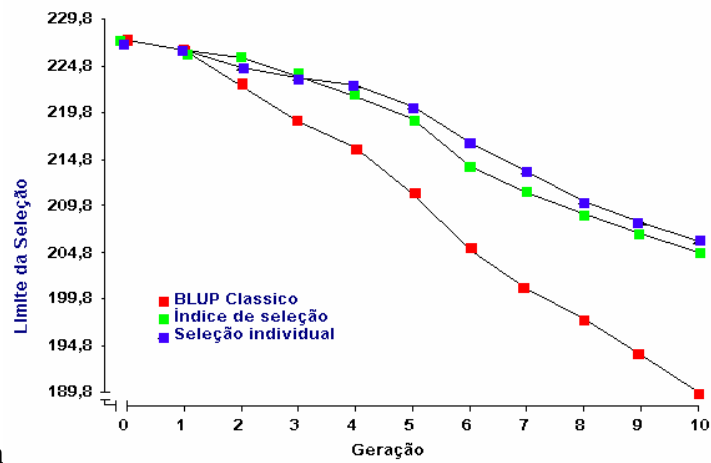


9b

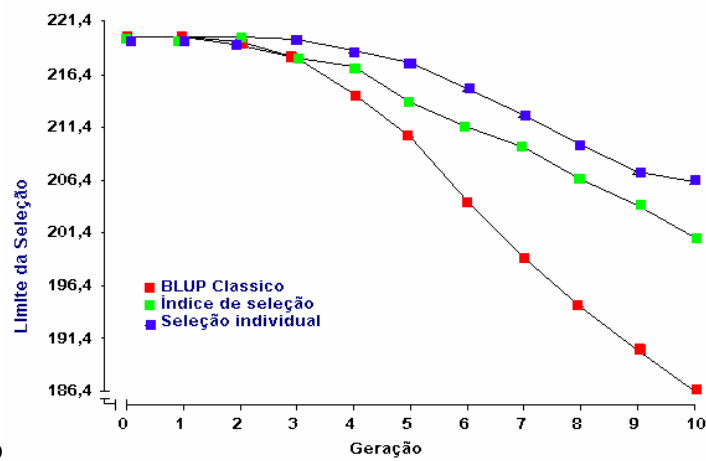


9c

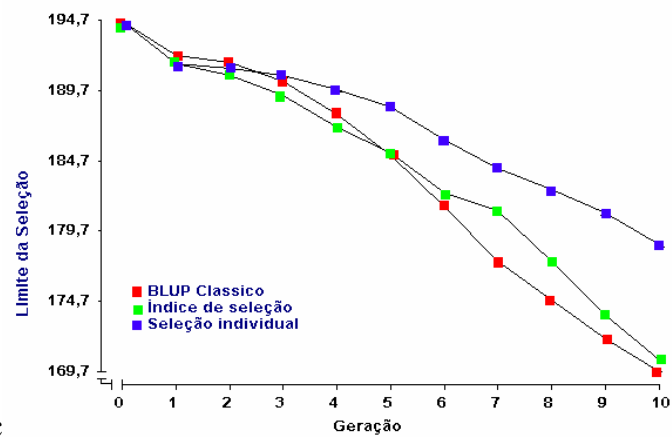
Figura 9 – Limite de seleção para combinações de fatores de ponderação 0,10-0,10-0,80 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (9a), média (9b) e baixa herdabilidade (9c).



10a

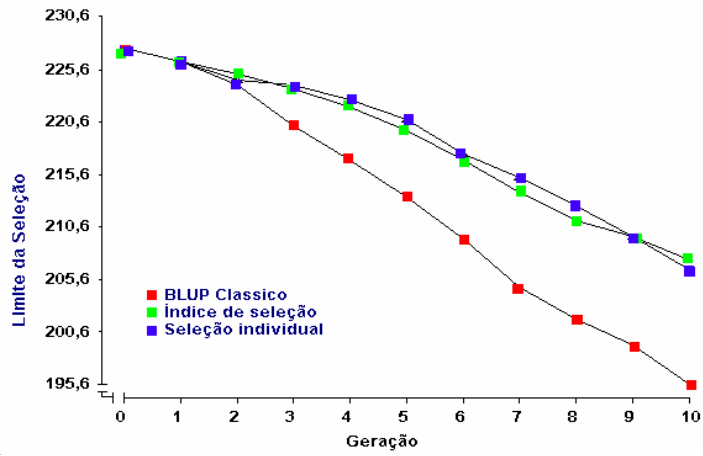


10b

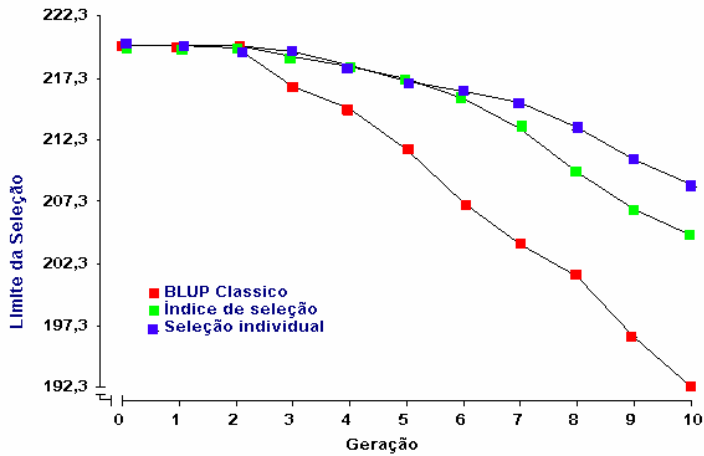


10c

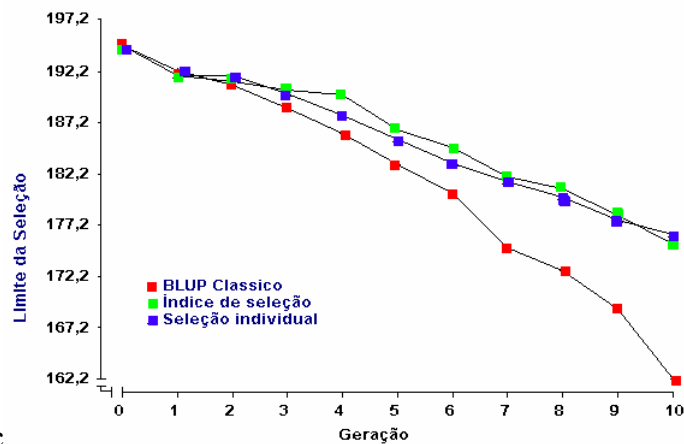
Figura 10 – Limite de seleção para combinações de fatores de ponderação 0,10-0,20-0,70 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (10a), média (10b) e baixa herdabilidade (10c).



11a



11b



11c

Figura 11 – Limite de seleção para combinações de fatores de ponderação 0,33-0,33-0,34 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (11a), média (11b) e baixa herdabilidade (11c).

De maneira geral, os três métodos de seleção apresentam comportamento semelhante até 4-5 gerações de seleção; a partir daí o BLUP apresentou maiores perdas no limite de seleção para a característica de baixa herdabilidade (Figuras 8c, 9c, 10c, 11c). De acordo com EUCLYDES (1996), o melhor desempenho do BLUP nas primeiras gerações provocou, em seu trabalho, aumento acentuado da endogamia, o que resultou em decréscimo acentuado da variância genética aditiva, que por sua vez resultou num menor valor fenotípico, a partir da geração de número 25, quando comparado com a seleção individual. É interessante observar que, para a característica de alta herdabilidade considerando a combinação 0,00-0,00-1,00, houve redução na resposta de 46 unidades, o que corresponde ao maior valor observado neste estudo em se tratando de limite de seleção (Figura 8a). As combinações 0,10-0,10-0,80 e 0,20-0,30-0,50 apresentaram valores muito próximos de redução do limite de seleção – 30 e 32 unidades, respectivamente.

O valor fenotípico de um animal é bom preditor do seu valor genético quando a característica em questão possui alta herdabilidade. No entanto, quando a característica sob seleção possui herdabilidade média, ou baixa, sendo portanto bastante influenciada pelo ambiente, métodos de seleção que incorporem outras informações que não apenas a do próprio indivíduo, como informações de parentes, podem aumentar significativamente a resposta à seleção.

Sabe-se que a seleção pode conduzir à fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis, com conseqüente perda de variância genética. Nesse contexto, avaliando o limite de seleção e as perdas por fixação promovidos pelo uso da seleção individual e do índice de seleção para as diferentes combinações de fatores de ponderação, verifica-se que até a combinação 0,10-0,10-0,80, excluindo-se o BLUP, a seleção individual apresentou limite de seleção superior ou similar ao índice de seleção (Figura 9). A partir da combinação 0,10-0,20-0,70 a situação se inverteu, sendo a seleção individual superada pelo índice de seleção. O comportamento dos métodos descritos acima foi igual para as perdas por fixação.

5. RESUMO E CONCLUSÕES

O presente trabalho utilizou dados simulados pelo programa GENESYS (EUCLYDES, 1996), que trabalha em nível de material genético, com o objetivo de verificar o efeito das diferentes combinações de fatores de ponderação sobre características de alta, média e baixa herdabilidade, utilizando-se o BLUP, a seleção individual e o índice de seleção.

Nesse sentido, foi simulado genoma constituído de três características quantitativas, governada por 250 locos por característica, distribuídos em 20 pares de cromossomos de tamanho aleatório. A partir deste genoma foi simulada uma população-base, constituída de 1.000 animais (500 machos e 500 fêmeas); para as três características em questão foram consideradas as herdabilidades alta (0,60), média (0,30) e baixa (0,10). Dessa forma, a população inicial foi constituída, escolhendo-se de forma aleatória, 10 machos, 100 fêmeas e 5 filhos/fêmea. Nessa população iniciou-se o processo de avaliações genéticas, utilizando os três métodos de seleção citados, durante 10 gerações de seleção. O processo de seleção foi repetido para cada método 10 vezes, com o propósito de avaliar o efeito da oscilação genética devido à amostragem gamética.

Quando o índice de seleção foi utilizado, os fatores de ponderação, para as três características, correspondiam ao valor econômico da característica;

para a seleção individual, os fatores de ponderação correspondiam ao valor fenotípico do indivíduo para as características de alta, média e baixa herdabilidade. Já para o BLUP os fatores de ponderação são referentes aos valores genéticos dos animais.

Foram avaliadas as seguintes combinações de fatores de ponderação para as características de alta, média e baixa herdabilidade: 0,00-0,00-1,00; 0,05-0,05-0,90; 0,10-0,10-0,80; 0,10-0,20-0,70; 0,20-0,30-0,50; e 0,33-0,33-0,34.

Os resultados de ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade, obtidos através do índice de seleção, revelaram aumento de 615% quando a seleção focalizou somente essa característica; entretanto, as características de média e alta herdabilidade apresentaram perdas em seus ganhos fenotípicos de 97 e 92%, respectivamente.

Considerando as demais combinações de fatores de ponderação, verificou-se redução progressiva com a redução dos valores atribuídos a elas, sendo a maior diferença observada de 265% entre as combinações 0,10-0,10-0,80 e 0,10-0,20-0,70. Esse resultado revela que, se o objetivo da seleção estiver direcionado para característica de baixa herdabilidade, a inclusão de outras características em um índice para selecionar os animais pode prejudicar de maneira significativa os ganhos na característica-alvo.

Os ganhos fenotípicos observados para a característica de média herdabilidade aumentaram com o aumento nos seus pesos econômicos, sendo a variação verificada – de 3 até 103% – obtida nas combinações 0,00-0,00-1,00 e 0,20-0,30-0,50. A característica de alta herdabilidade apresentou comportamento semelhante, sendo constatados aumentos nos ganhos fenotípicos à medida que seus pesos econômicos foram aumentados.

As variações observadas para ganhos e perdas por fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis foram relativamente pequenas e atribuídas, possivelmente, às oscilações ao acaso. Tanto para o ganho como para as perdas por fixação a combinação 0,10-0,20-0,70 foi a que apresentou os maiores valores, e as diferenças observadas nesses parâmetros foram de,

aproximadamente, seis e três unidades, respectivamente. Da mesma forma, a redução na variabilidade genética foi mais acentuada para a combinação 0,10-0,20-0,70, embora a diferença total observada tenha sido pequena para todas as características. Os pequenos aumentos observados no coeficiente de homozigose para as três características, na combinação 0,10-0,20-0,70, foram causados pela fixação dos locos, que, por sua vez, provocaram redução na variância genética aditiva ao final das 10 gerações de seleção.

A seleção individual, para a característica de baixa herdabilidade, apresentou acréscimo nos ganhos fenotípicos de 120% quando foi utilizada a combinação de fatores 0,00-0,00-1,00, ocorrendo decréscimo nos ganhos com a redução nos valores fenotípicos aplicados para a característica. A maior diferença encontrada foi entre as combinações 0,20-0,30-0,50 e 0,33-0,33-0,34, que foi de 35%. Entre as demais combinações, para a característica de baixa herdabilidade, as diferenças foram reduzidas.

Os valores fenotípicos percentuais verificados para as características de média e alta herdabilidade também apresentaram resposta correlacionada com os valores fenotípicos atribuídos às características, sendo observada, para a característica de média herdabilidade, maior variação entre as combinações 0,10-0,20-0,70 e 0,20-0,30-0,50, de aproximadamente 26%. Para a característica de alta herdabilidade verificou-se grande aumento, de 73%, quando a característica recebeu valores fenotípicos iguais aos das demais características (0,33-0,33-0,34), em relação à combinação anterior.

Os valores fenotípicos observados foram extremamente altos para a característica de baixa herdabilidade; as duas primeiras combinações de fatores de ponderação apresentaram valores iguais a 1.490%, tendo como referência a combinação 0,33-0,33-0,34, utilizando-se o BLUP. A maior variação foi verificada entre as combinações 0,10-0,10-0,80 e 0,10-0,20-0,70, que foi de 445%, revelando que grande parte dos ganhos fenotípicos para a característica de baixa herdabilidade foi perdida para as demais características apenas pela perda de uma unidade no fator de ponderação para esta característica.

Considerando as características de média e alta herdabilidade, verificaram-se aumentos progressivos nos fatores de ponderação nos ganhos fenotípicos de acordo com aumentos nos fatores de ponderação.

Comparando os três procedimentos de seleção, dentro de cada combinação de fatores de ponderação, verificou-se a superioridade do BLUP, na maioria dos casos, para características de baixa, média e alta herdabilidade.

Característica de pouca importância, mesmo com maior herdabilidade, quando utilizada simultaneamente com características de maior importância, independentemente dos fatores de ponderação, reduz o ganho genético nas características de maior importância.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARMERO, E.; BASELGA, M.; CIFRE, J. Selecting for litter size in rabbits: analysis of different strategies. **World Rabbit Science**, v.3, p.179-186; 1995.
- BANOS, G., PHILIPSSON, J., GUNDEL, M., JUGA, J., SANDER NIELSEN, U. Joint genetic evaluation of black-and-white dairy bulls in the nordic countries for dairy production traits. **Acta Agric. Scand., Section A, Animal Science**, v.44, n.3, p.129-137, 1994.
- BELONSKY, G.M.; KENNEDY, B.W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. **Journal of Animal Science**, v.66, p.1124-1131, 1988.
- CARABAÑO, M.J.; DIAZ, C. Prediccion del valor genetico: BLUP-Model animal y sus aplicaciones. In: BUXADÉ, C. (eds.). *Zootecnia – Bases de Produccion Animal*. Tomo IV. Ediciones Mundi-Prensa, 1995. Madrid. p.123-135, 1995.
- CARNEIRO, A.P.S. **Efeito do grau de conexidade dos dados sobre a avaliação genética animal**. Viçosa, MG: UFV, 1999, 62p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- CARNEIRO, P.L.S. **Efeito de erros de Pedigree na Avaliação Genética Animal**. Viçosa, MG: UFV, 1998, 79p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1998.

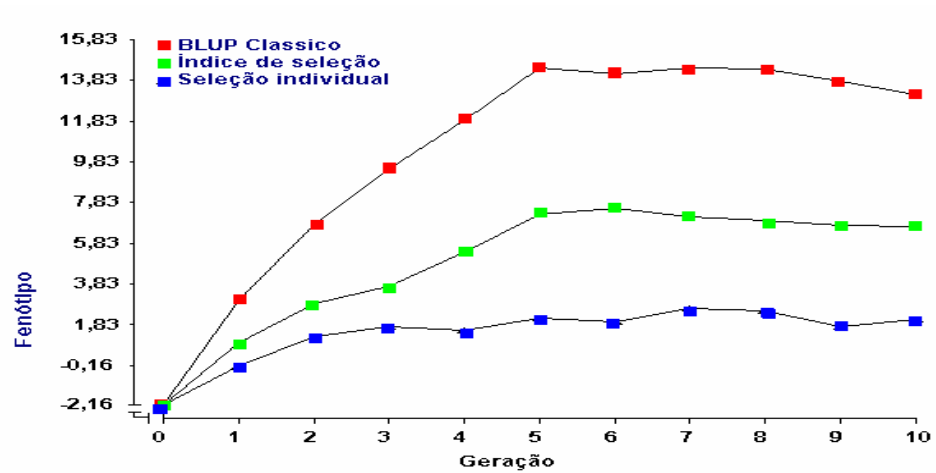
- CARRICK, M. Breeding objectives in wool sheep. In: HAMMOND, K.; GRASER, H.U.; McDONALD, C.A. (eds.). **Animal breeding – The modern approach**. Post-Graduate Foundation in Veterinary Science, University of Sydney. 1992. p.155-168.
- CHAGAS, E.C. Cruzamento como método de melhoramento em bovinos de corte. In: PEIXOTO, A.M.; MOURA, J.C.; FARIA, V.P. **Melhoramento genético de bovinos**. FEALQ, ESALQ/USP. Piracicaba, 1986. p.217-230.
- COSTA, A.R.C. **Avaliação genética e valores econômicos de características de desempenho em suínos**. Viçosa: UFV, 1999. 50p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- CORRÊIA, F. **Avaliação de métodos tradicionais de seleção e utilizando marcadores moleculares**. Viçosa, MG: UFV, 2001, 112p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- EUCLYDES, R.F.; GUIMARÃES, S.E.F. Associação dos métodos tradicionais de seleção à seleção assistida por marcadores moleculares. I Fórum Nacional de Equideocultura. In: REVISTA BRASILEIRA DE REPRODUÇÃO ANIMAL, 21, 1997, BELO HORIZONTE, MINAS GERAIS. **Fórum...** Belo Horizonte, MG, 1997, p.89-96.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares**. Viçosa, MG: UFV, 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M.A. Silva e J. C. Silva. Viçosa, MG: UFV, Imprensa. Universitária., 1981. 279p.
- FONSECA, R.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; RIBEIRO JÚNIOR, J.I.; LOPES, P.S.; SILVA, M.A. Efeito da violação de pressuposições da metodologia de modelos mistos na avaliação genética animal. **Arq. Bras. Méd. Vet. Zootec.**, v.53, n.1 Belo Horizonte. 2001.
- FRAZER, A.S. Simulation of genetic systems. I. Introduction. **Australian Journal of Biological Sciences**, v.10, p.484-491, 1957.
- GODDARD, M.E. A mixed model for analysis of data multiple genetic markers. **Theoretical Applied Genetics**, v.83, p.878-886, 1992.
- HAZEL, L.N. The basis for constructing selections indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.

- HENDERSON, C.R. Statistical methods in animal improvement: historical overview. In: GIANOLA, D., HAMMOND, K. (Ed.) **Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock**. Berlin, Germany: Springer-Verlag, 1990, p.2-14 (Advanced Series in Agricultural Science v. 18)
- HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v.32, p.69-83, 1976.
- HENDERSON, C.R. Selection index and genetic expected advance. In: HANSON, W.D., ROBINSON, H.F. (Eds.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NRC, 1963. p.141-163. (Publication, 982).
- LIN, C.Y.; SABOUR, M.P.; LEE, A.J. Direct typing of milk proteins as an aid for genetic improvement of dairy bulls and cows: a review. **Animal Breeding Abstracts**, v.60, p.1-10; 1992.
- MADALENA, F.E., HILL, W.G. Population structure in artificial selection programmes: simulation studies. **Genetical Research**, v.20, p.75-99, 1972.
- MARTINS, EN. **Desenvolvimento de uma estratégia computacional para seleção de coelhos, usando a melhor predição linear não-viesada**. Viçosa, MG: UFV, 1995. 117p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa.
- MARTINS, E.N. Estado da arte e perspectivas do melhoramento genético de coelhos. In: SIMPOSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 1., 1996, Ribeirão Preto: **Anais...** Ribeirão Preto - SP, 1996. p.73-77.
- MILAGRES, J.C. **Melhoramento animal** (Seleção). Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1980. 77p.
- MOAV, R., MOAV, J. Profit in a broiler enterprise as a function of egg production of parent stocks and growth rate of their progeny. **Brit. Poult. Sci.**, v.7, p.5-16, 1966.
- NICHOLAS, F.W., ROBERTSON, A. The conflict between natural and artificial selection in finite populations. **Theoretical Applied Genetics**, v.56, p.57-64, 1980.
- ORR, H.A. The evolutionary genetics of adaptation: a simulation study. **Genetical Research**, v.74, n.3, p.207-214. 1999.

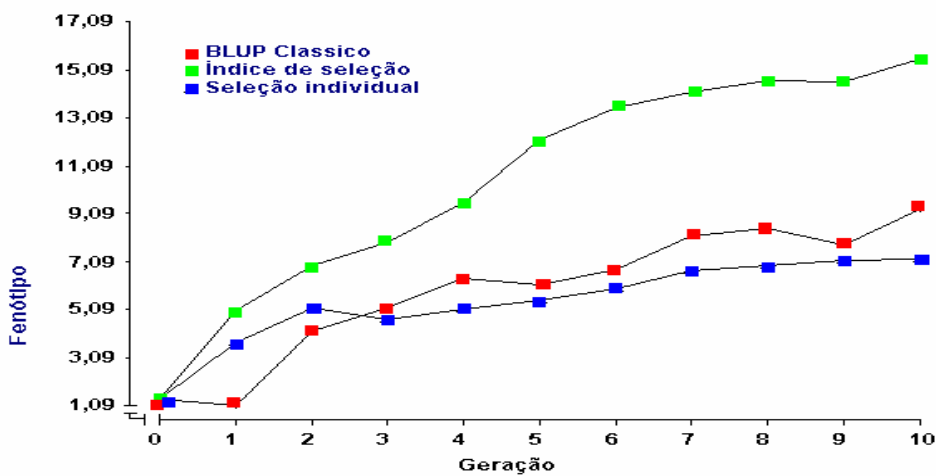
- PEIXOTO, A.M. **Melhoramento genético de bovinos**. Editado por Aristeu Mendes Peixoto e outros. Piracicaba: FEALQ, 1986. 271p. ilustr.
- POZZONI, R.W. Objectives and selection criteria for Australian Merino sheep. **Proceedings of Australian Association of Animal Breeding and Genetics**, v.1, p.320-336, 1979.
- QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M.E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v.70, p.1060-1067, 1992.
- REEVE, J.P. Predicting long-term response to selection. **Genetical Research**, v.75, n.1, p.83-94, 2000.
- ROBERTSON, A. A theory of limits in artificial selection with many linked loci. In: _____. **Mathematical topics in population genetics**. Berlin, Germany: Springer, 1970, p.248-288.
- ROBINSON, J.A.B., WILTON, J.W., SCHAEFFER, L.R. Accuracy of selection index and best linear unbiased prediction for within-herd selection with assortative mating of beef cattle. **Canadian Journal Animal Science**, v.69, p.315-322, 1989.
- ROSA-PEREZ, J.R.H.; RESENDE, M.D.V. Importância da genética e do melhoramento para a produção animal. In: 1º. SIMPOSIO DE GENÉTICA E MELHORAMENTO ANIMAL, 1999, Palotina: **Anais...** Palotina - Paraná, 1999. p.1-12.
- SATOH, M.; HICKS, C.; ISHII, K.; FURUKAWA, T. Prediction of response to selection based on BLUP of breeding values by expected response to family index selection supporting pig selection program. **Journal Animal Science**, v.71, n.1, p.17-25, 2000.
- SILVA. M.A. **Melhoramento animal (índice de seleção)**. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1980. 67p.
- SMITH, C. Effects of changes in economic weights on the efficiency of index selection. **Journal Animal Science**, v. 56, n.5, p. 1057-1064, 1983.
- SORENSEN, D. A. Effects Of alternatives methods of breeding value estimation on response to selection in simulated pig populations. Proc. 38th Annu. Meet. Europ. Assoc. **Animal Production**, v.11, p.1164 (Abstr.), 1987.

- SORENSEN, D.A., KENNEDY, B.W. Estimation of response to selection using least squares and mixed model methodology. **Journal of Animal Science**, v.58, p.1097-1106, 1984.
- TIAN, Y.Q.; McCALL, D.G.;McMILLAN, W.H. The potential for use of surplus dairy herd reproductive capacity for beef production. **New Zealand Journal of Agricultural Research**, v.42, n.4, p.405-414. 1999.
- WOOD, C.M., CHRISTIAN, L.L., ROTHSCHILD, M.F. Use of animal model in situation of limited subclass number and high degree of relationship. **Journal of Animal Science**, v. 69, p. 1420-1427, 1991.
- WU, X.L.; LIU, R.Z.; SHI, Q.S.; LIU, X.C.; LI, X.; WU, M.S. Marker-assisted mating applied in in-situ conservation of indigenous animals in small populations: (1) closing mating schemes for maximum heterozygosity. **Asian Australasian Journal of Animal Science**, v.13, n.4, p.431-434. 2000.
- ZHANG, W.; SMITH, C. Computer simulation of marker-assisted selection utilizing linkage disequilibrium. **Theoretical Applied Genetics**, v.83, p.813-820, 1992.

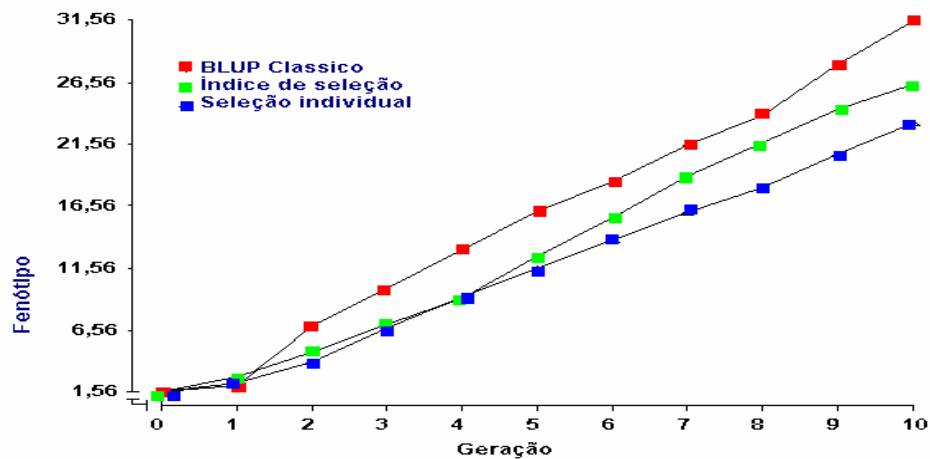
APÊNDICE



1a

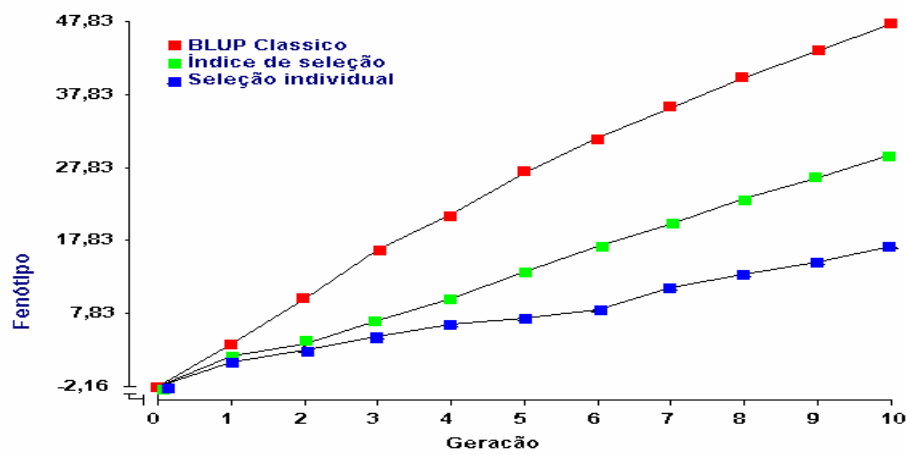


1b

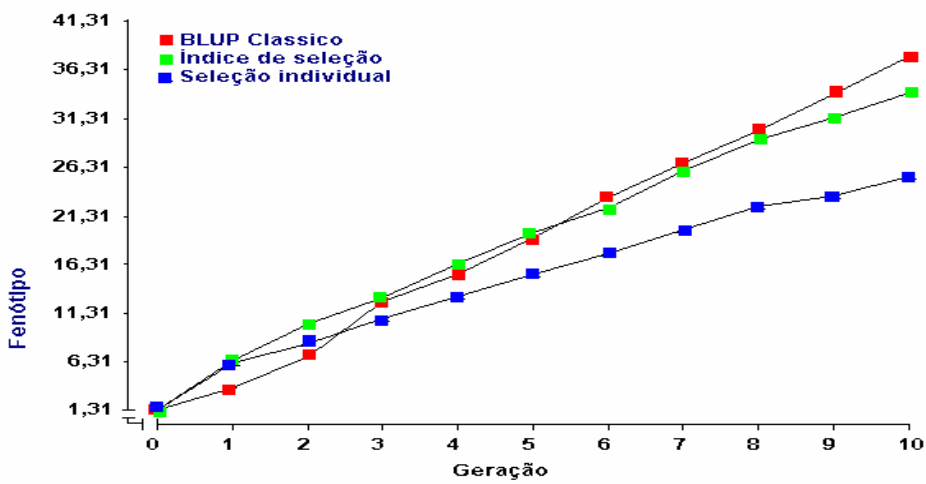


1c

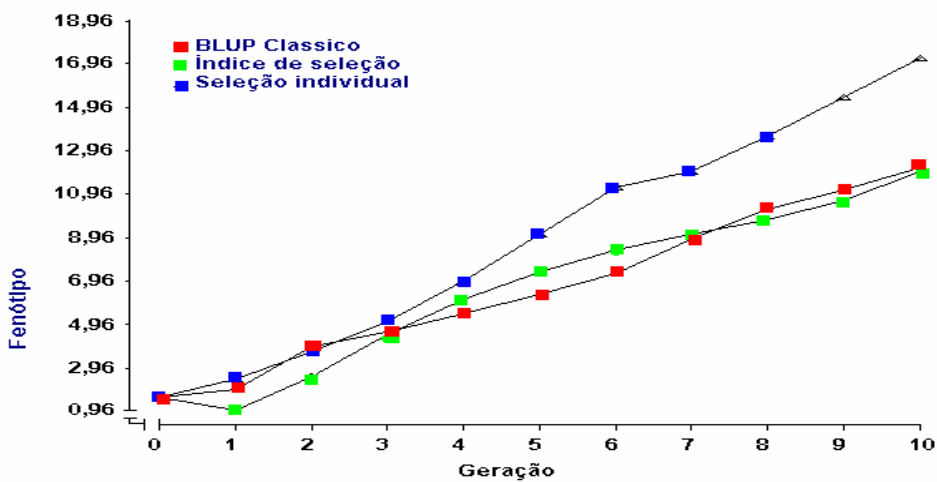
Figura 1A – Ganhos fenotípicos para a combinação de fatores de ponderação 0,05-0,05-0,90 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção, BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (1a), média (1b) e baixa herdabilidade (1c).



2a



2b



2c

Figura 2A – Ganhos fenotípicos para a combinação de fatores de ponderação 0,20-0,30-0,50 durante 10 gerações de seleção pelos métodos de seleção, BLUP, índice de seleção e seleção individual, para características de alta (2a), média (2b) e baixa herdabilidade (2c).