

MARÍLIA ALBUQUERQUE DE SOUSA MARTINS

**EFEITO DA MUTAÇÃO EM POPULAÇÕES
SELECIONADAS UTILIZANDO SIMULAÇÃO GENÔMICA**

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
2009

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

T

M386e
2009

Martins, Marília Albuquerque de Sousa, 1964-
Efeito da mutação em populações selecionadas utilizando
simulação genômica / Marília Albuquerque de Sousa
Martins. – Viçosa, MG, 2009.
xiv, 72f. : il (algumas col.) ; 29cm.

Inclui anexo.

Orientador: Ricardo Frederico Euclides.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 64-72.

1. Genética animal. 2. Consaguinidade. 3. Simulação
(Computador). I. Universidade Federal de Viçosa.
II. Título.

CDD 22.ed. 591.35

MARÍLIA ALBUQUERQUE DE SOUSA MARTINS

**EFEITO DA MUTAÇÃO EM POPULAÇÕES
SELECIONADAS UTILIZANDO SIMULAÇÃO GENÔMICA**

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: 31 de julho de 2009.

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Co-Orientador)

Prof. Antônio Policarpo Souza Carneiro
(Co-Orientador)

Prof. Gustavo Henrique de Souza

Prof. José Ivo Ribeiro Júnior

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Orientador)

Aos amores da minha vida,
meu marido Jackson Martins e meus filhos Maria Carolina e Lucas Martins.
Dedico este trabalho

“Só aqueles que se arriscam a ir mais
longe descobrirão até onde podem
chegar”.

Oswaldo Tórtora

AGRADECIMENTOS

A Deus, indispensável em minha vida.

À Universidade Federal de Viçosa e à Universidade Estadual do Maranhão, pela oportunidade concedida para a realização deste curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, CAPES, pela bolsa de estudo concedida.

A minha querida família, pelo aconchego.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, pela capacidade no cumprimento de sua função de mestre, pela aceitação de orientar-me na realização desta tarefa e pela amizade.

Ao professor Robledo de Almeida Torres, pelos valiosos ensinamentos.

Aos professores Antônio Policarpo, Gustavo Henrique de Souza e José Ivo Ribeiro Júnior, pela participação no exame de defesa de tese.

Ao professor Paulo Sávio, pelos ensinamentos transmitidos.

Ao professor Martinho, pela competente arte de ensinar bem.

Ao professor Marcelo Soriano, pelo apoio concedido durante o curso.

Ao professor Adair Regazzi, pela respeitosa amizade.

Ao professor Francisco de Assis Melo Lima, UFC, por despertar em mim o interesse pelo Melhoramento Genético Animal.

Aos amigos do curso de doutorado, pelo bom convívio.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE FIGURAS	vii
LISTA DE TABELAS	x
RESUMO.....	xiii
ABSTRACT.....	xv
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 Mutações gênicas.....	3
2.2 Endogamia e sistemas de acasalamento.....	6
2.3 Pequenas populações e oscilação genética.....	9
2.4 Simulação de dados.....	11
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	14
3.1 Obtenção de dados.....	14
3.2 Especificação do genoma.....	14
3.3 Estruturas populacionais.....	15
3.4 Parâmetros avaliados.....	17
3.4.1 Valor Fenotípico.....	17
3.4.2 Endogamia média.....	17
3.4.3 Fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis.....	18
3.4.4 Limite de seleção.....	18
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	19
4.1 Característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$).....	19
4.1.1 Valor Fenotípico.....	19
4.1.2 Endogamia média.....	25
4.1.3 Fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis.....	30
4.1.4 Limite de seleção.....	38
4.2 Característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$).....	42

4.2.1 Valor Fenotípico.....	42
4.2.2 Endogamia média.....	47
4.2.3 Fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis.....	51
4.2.4 Limite de seleção.....	59
5. CONCLUSÕES.....	63
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	64
ANEXOS.....	68

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Diferentes combinações de substituições entre as bases nitrogenadas	4
Figura 2	Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	22
Figura 3	Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2) sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	22
Figura 4	Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1) sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	27
Figura 5	Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	27
Figura 6	Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	31
Figura 7	Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	32

Figura 8	Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	32
Figura 9	Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	33
Figura 10	Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	39
Figura 11	Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	39
Figura 12	Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	43
Figura 13	Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	44
Figura 14	Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	48
Figura 15	Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	48

Figura 16	Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	52
Figura 17	Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)...	53
Figura 18	Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)...	53
Figura 19	Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)...	54
Figura 20	Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	60
Figura 21	Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	60

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	23
Tabela 2	Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2) sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	24
Tabela 3	Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1) sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	28
Tabela 4	Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	29
Tabela 5	Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	34
Tabela 6	Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	35

Tabela 7	Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	36
Tabela 8	Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	37
Tabela 9	Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	40
Tabela 10	Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).....	41
Tabela 11	Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)..	45
Tabela 12	Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)...	46
Tabela 13	Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)...	49
Tabela 14	Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)...	50
Tabela 15	Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	55

Tabela 16	Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	56
Tabela 17	Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	57
Tabela 18	Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	58
Tabela 19	Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	61
Tabela 20	Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).....	62

RESUMO

MARTINS, Marília Albuquerque de Sousa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2009. **Efeito da mutação em populações selecionadas utilizando simulação genômica.** Orientador: Ricardo Frederico Euclides. Co-Orientadores: Robledo de Almeida Torres e Antônio Policarpo Souza Carneiro.

Este trabalho teve como objetivo estudar o efeito de diferentes taxas de mutação em populações submetidas à seleção individual, considerando diferentes sistemas de acasalamento e intensidades de seleção em característica de baixa e alta herdabilidade, utilizando-se os seguintes parâmetros: valores fenotípicos, endogamia, fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis e limite de seleção, a longo prazo. Para possibilitar o desenvolvimento deste trabalho, foram simulados por meio do programa GENESYS, separadamente, doze genomas constituídos de uma única característica quantitativa que se distingue entre si pelo valor da herdabilidade e pela taxa de mutação. Foram simulados dois valores de herdabilidade para a característica em estudo: alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$) e baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$) e três taxas de mutação: $M_1 = 1:10.000$; $M_2 = 1: 100.000$; $M_3 = 1:1.000.000$. Essas taxas de mutação são expressas em termos de proporção de mutações/*locus*/geração, indicando a probabilidade de que 1(um) em cada 10.000, 100.000 ou 1.000.000 de genes simulados ocorrerá uma mutação. A partir de cada genoma simulado foi obtida inicialmente uma população-base, constituída de 3.000 indivíduos com taxa endogâmica igual a zero e proporção igual entre machos e fêmeas, todos heterozigotos. A partir de cada população-base simulada foram amostrados aleatoriamente 10 machos e 250 fêmeas. Por meio do acasalamento desses indivíduos amostrados, foram obtidas as populações iniciais, num total de doze populações, apresentando as seguintes estruturas: a) seis populações iniciais constituídas de 1250 indivíduos correspondentes a um número de 5 descendentes por fêmea; b) seis populações iniciais com 500 indivíduos

correspondentes a um número de 2 descendentes por fêmea. Depois de formadas as populações iniciais, teve início a formação das populações de seleção, num total de trinta e seis, correspondendo a duas intensidades de seleção (IS1 = Maior Intensidade de Seleção; IS2 = Menor Intensidade de Seleção), três taxas de mutação ($M_1=1:10.000$; $M_2=1:100.000$; $M_3=1:1.000.000$) e três sistemas de acasalamento (RAA=Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC=Exclusão de Irmãos Completos; EICMI=Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos). Os acasalamentos eram praticados entre os reprodutores que tiveram os melhores desempenhos, sendo estes escolhidos para pais da geração seguinte, tendo por base a seleção individual. Este método de seleção foi praticado por 20 gerações consecutivas e para minimizar os efeitos da flutuação gênica, foram efetuadas 5 repetições por geração. Para as populações com maior intensidade de seleção (IS1), em cada geração, foram escolhidos 10 machos e 250 fêmeas e gerados 5 descendentes por acasalamento, totalizando 1250 indivíduos, com igual proporção entre machos e fêmeas (625 machos e 625 fêmeas), correspondendo a uma intensidade de seleção de 2,47 e 0,97 dos machos e das fêmeas selecionados, respectivamente. Já para as populações com menor intensidade de seleção (IS2) foram escolhidos o mesmo número de machos e fêmeas (10 e 250), respectivamente, gerando apenas 2 descendentes por acasalamento, totalizando 500 indivíduos, com igual proporção entre machos e fêmeas (250 machos e 250 fêmeas) correspondendo a uma intensidade de seleção de 2,16 para os machos. As populações tiveram em comum o mesmo tamanho efetivo, de 38,46. Observou-se que os ganhos obtidos ao longo das 20 gerações de seleção foi superior para a taxa de maior ocorrência de mutações (1:10.000) em relação às taxas M_2 (1:100.000) e M_3 (1:1.000.000), para todos os sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e herdabilidades ($h^2= 0,60$ e $h^2= 0,20$) nas populações submetidas a maior intensidade de seleção. Entretanto, maior taxa de mutação e maior intensidade de seleção resultaram em aumento da endogamia, maior fixação de alelos desfavoráveis e redução acentuada no limite de seleção. Os sistemas que excluem o acasalamento entre irmãos proporcionaram menores coeficientes de endogamia. Ao relacionar estes resultados com as herdabilidades estudadas (0,20 e 0,60), todos os resultados apresentados mostraram-se mais expressivos para o caráter de herdabilidade alta.

ABSTRACT

MARTINS, Marília Albuquerque de Sousa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2009. **Effect of mutation in populations selected using simulation genomics.** Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Co-Advisers: Robledo de Almeida Torres and Antônio Policarpo Souza Carneiro.

This work aimed to study the effect of different mutation rates in populations subjected to individual selection, with different mating systems and intensities of feature selection in high and low heritability, using the following parameters: phenotypic values, inbreeding, fixation of favorable and unfavorable alleles and the selection limit, the long term. To enable the development of this study were simulated using the GENESYS program separately, twelve genomes consisting of a single trait that distinguishes itself by the value of heritability and mutation rate. Were simulated with two levels of heritability for the trait under study: high heritability ($h^2 = 0.60$) and low heritability ($h^2 = 0.20$) and three mutation rates: $1:10.000 = M1$, $M2 = 1: 100,000$; $M3 = 1:1,000,000$. These mutation rates are expressed in terms of proportion of mutations / locus / generation, indicating the probability that 1 (one) out of 10,000, 100,000 or 1,000,000 simulated gene mutation will occur. From each simulated genome was initially obtained a base population consisting of 3,000 individuals with inbreeding rate equal to zero and equal proportion between males and females, all heterozygotes. From each simulated population-based randomly selected 10 males and 250 females. Through mating of individuals sampled, we obtained the initial populations, a total of twelve populations, having the following structures: a) six initial populations consisted of 1250 individuals representing a number of 5 descending for female, b) six initial populations with 500 individuals representing a number of 2 descending for female. Once formed the initial populations, began training for selected populations, a total of thirty-six, corresponding to two selection intensities ($IS1 =$ Higher intensity of selection from; $IS2$

= Lowest intensity of selection), three mutation rates ($M1 = 1:10,000$, $1:100,000 = M2$, $M3 = 1:1,000,000$) and three mating systems (RAA = random mating; EIC = Deleting Brothers Complete; EICMI = Deleting Brothers Full and half-brothers) . The matings were performed between the players that had the best performances, which are chosen for parents of the next generation, based on individual selection. This method of selection was practiced for 20 consecutive generations and to minimize the effects of fluctuating gene, were performed 5 repetitions per generation. For populations with greater intensity of selection (IS1), in each generation were selected 10 males and 250 females and 5 offspring generated by mating a total of 1250 individuals, with equal proportion of males and females (625 males and 625 females), corresponding a selection intensity of 2.47 and 0.97 for males and females selected, respectively. As for populations with lower intensity of selection (IS2) were chosen the same number of males and females (10 and 250), respectively, generating only 2 offspring per breeding season, totaling 500 individuals, with equal proportion of males and females (250 males and 250 females) corresponding to a selection intensity of 2.16 for males. Populations had in common the same effective size of 38.46. It was observed that the gains achieved over the 20 generations of selection was higher for the higher rate of occurrence of mutations ($1:10.000$) for rates M2 ($1:100,000$) and M3 ($1:1,000,000$) for all mating systems (RAA, EIC and EICMI) and heritability ($h^2 = 0.60$ and $h^2 = 0.20$) in populations subject to greater selection intensity. However, higher mutation rate and higher intensity of selection resulted in an increase of inbreeding, higher fixation of unfavorable alleles and marked reduction in the selection limit. Systems that preclude mating between siblings provided lower coefficients of inbreeding. By linking these results with the heritabilities studied (0.20 and 0.60), all shown that the results were more significant for the character of high heritability.

1. INTRODUÇÃO

A variabilidade genética existente entre os organismos vivos, quer seja animal ou vegetal, constitui-se matéria-prima de fundamental importância para o melhoramento genético. As alterações genéticas provocadas pelas mutações podem resultar em variantes fenotípicas favoráveis ou desfavoráveis.

Relacionando a endogamia e seus múltiplos efeitos sobre a dinâmica das mutações deletérias e suas consequências em nível populacional, Wang et al. (1999) corroboram com a tese de que a endogamia resulta em um aumento na homozigose e, portanto, na probabilidade de fixação de mutantes deletérios, levando à diminuição da aptidão e assim potencialmente a um maior risco de extinção da população.

Meuwissen e Woollians (1994) destacam que a necessidade de controlar a endogamia não se deve somente ao fato de a menor endogamia permitir uma melhor utilização da variabilidade genética disponível e a redução na depressão endogâmica nas características selecionadas, mas também, porque há a redução da performance das características relacionadas.

Depois de um longo período de endogamia, a mutação pode tornar-se um importante fator na determinação da frequência de heterozigotos (FALCONER, 1987). As consequências práticas da origem da heterogeneidade, por meio da mutação, portanto, são que as características de uma linha mudarão lentamente quando se fixam alelos mutantes e as sublinhas se tornarão diferenciadas.

Por outro lado, a possibilidade de identificar genótipos de animais portadores das mutações através das novas tecnologias moleculares tem contribuído de forma decisiva em programas de seleção com resultados animadores para o melhoramento genético através de novas estratégias para melhorar a produção.

Várias pesquisas estão sendo conduzidas em genética molecular visando o mapeamento genético, o que possibilitará a implementação da seleção assistida por marcadores de maneira a atender as diversas espécies trabalhadas pelo melhoramento, incluindo todas as características economicamente importantes.

A partir dos trabalhos de Fujii et al. (1991), que identificaram a mutação que causa a síndrome do estresse suíno (PSS) no gene que codifica o receptor de rianodina ou canal liberador de cálcio (Ryr-1), grande número de genes que influenciam características economicamente importantes têm sido mapeados.

De acordo com Lopes et al. (2008), a identificação desses genes, bem como seu uso na seleção, tem sido a grande expectativa de obtenção de maiores ganhos genéticos nos programas de melhoramento animal, especialmente em características de baixa herdabilidade ou naquelas que podem ser medidas somente após o abate dos indivíduos ou em apenas um dos sexos.

As últimas décadas têm se caracterizado por uma explosão de novas descobertas de mutações em todas as áreas de produção. Segundo Guimarães (2004), o grande salto na identificação das mutações foi dado com a descoberta das enzimas de restrição. Entretanto, com o advento da técnica de Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) cresceu-se muito a eficiência de detecção de polimorfismos do DNA ou RNA, diminuindo o tempo de execução dos experimentos, aumentando a velocidade dos processos de sequenciamento e facilitando a seleção de regiões de genes específicos.

Assim, este trabalho teve como objetivo estudar o efeito de diferentes taxas de mutação em populações submetidas à seleção individual, considerando diferentes sistemas de acasalamento e intensidades de seleção em característica de baixa e alta herdabilidade, utilizando-se os seguintes parâmetros: valores fenotípicos, endogamia, fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis e limite de seleção, a longo prazo.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Mutações gênicas

As mutações gênicas conduzem a alterações na sequência de bases nitrogenadas de um segmento do DNA e podem ocorrer através da adição, deleção ou pela substituição de uma base nitrogenada.

As mutações mais frequentes envolvem as chamadas mutações pontuais, que são trocas ou substituições de um nucleotídeo por outro, na molécula do DNA, durante a replicação. As substituições de bases causam alterações em um único códon do DNA e podem ocorrer tanto em regiões codificadoras e não-codificadoras.

Segundo Lopes et al. (2008), as substituições mais frequentes que ocorrem são as que envolvem trocas entre duas purinas (A/G ou G/A) ou duas pirimidinas (C/T ou T/C) e são denominadas de transição. As transversões são substituições de uma purina por uma pirimidina ou vice-versa. Tendo como parâmetro as bases nitrogenadas, quatro diferentes transições e oito diferentes transversões são possíveis, como podem ser observadas na Figura 1.

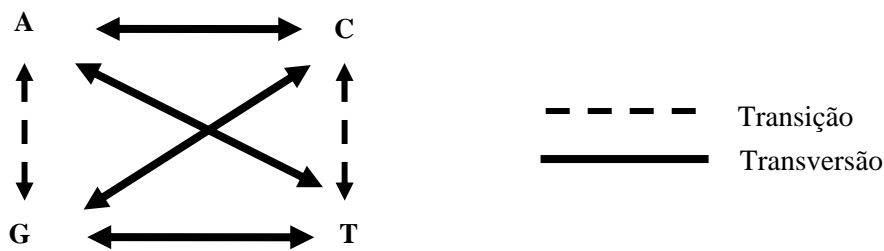


Figura 1. Diferentes combinações de substituições entre as bases nitrogenadas.

As mutações de ponto podem ter várias consequências diferentes. Num extremo, a substituição de uma base pode transformar uma trinca funcional em uma de terminação (é a chamada mutação sem sentido). Por exemplo, TAT codifica para tirosina; mas se T na terceira posição for substituída por A, a trinca resultante (TAA) significa término. Se a nova trinca de terminação ocorre antes da trinca de terminação usual, o polipeptídeo resultante será mais curto do que o usual e, provavelmente, não funcional. Se uma substituição de base muda uma trinca de modo a causar a substituição de um aminoácido por outro, ela é chamada de mutação de troca de sentido ou mutação não-sinônima. Por exemplo, a substituição de T por A na terceira posição de CAT (histidina) resulta em CAA (glutamina).

No outro extremo, muitas substituições de bases não têm qualquer efeito na seqüência de aminoácidos do produto gênico porque a trinca mutante acaba especificando o mesmo aminoácido que a trinca original. Estas assim denominadas mutações silenciosas são uma consequência direta da redundância do código genético. Neste caso, mesmo ocorrendo nos exons, não provoca alterações na proteína formada. Por exemplo, a substituição de T por C na terceira posição de CAT (histidina) resulta em CAC, que também codifica para histidina.

Segundo Guimarães (2004), quando ocorrem as mutações silenciosas, ou mesmo mutações em regiões não traduzidas em proteínas, estas são importantes no estudo da variabilidade genética entre populações distintas e também como marcadores genômicos, não traduzindo necessariamente, alterações protéicas.

A identificação das mutações que expliquem as características fenotípicas de interesse é necessária no estudo da variabilidade genética entre populações distintas e também na sua relação de causa e efeito.

Para que possamos entender o impacto de uma mutação resultante da simples substituição de uma base nitrogenada sobre a função de uma molécula, podemos tomar como exemplo a Síndrome do Estresse Suíno. Fujii et al. (1991) identificaram na PSS, uma mutação pontual no gene que codifica o receptor de rianodina (Ryr-1), resultado de uma substituição de Citosina para Timina na posição 1843 da seqüência de DNA. Esta troca resulta na alteração do aminoácido 615, onde a arginina cede o lugar a uma cisteína. Esta síndrome está associada com a má qualidade da carne.

Em bovinos, têm sido observadas diferentes mutações que levam a perda da função do gene da miostatina, afetando a massa muscular e determinando o fenótipo musculatura dupla (MD) ou hipertrofia muscular (double-muscling) em algumas raças. Charlier et al. (1995) mapearam o gene da miostatina no cromossomo 2 bovino. Quanto ao estudo molecular da característica, McPherron e Lee (1997) compararam as seqüências gênicas da miostatina em 10 espécies diferentes. Esses pesquisadores encontraram pelo menos 2 mutações diferentes em bovinos. Na raça Belgian Blue, por exemplo, ocorre uma deleção de 11 nucleotídeos no exon 3, enquanto na raça Piemontesa, também no exon 3, ocorre uma simples substituição de tirosina por cisteína.

Outros pesquisadores detectaram essas mutações em outras raças, tais como Blond d'Aquitaine, Limousin, Parthenaise, Asturiana de los Valles e Rubea Galega, que apresentam deleção dos 11pb, resultando em inativação da proteína (GROBET et al., 1997; McPHERRON e LEE, 1997; DUNNER et al., 1997; KARIN et al., 2000). Fahrenkrug et al. (1999) descreveram, na raça Gasconne, a mesma mutação encontrada na raça Piemontesa, citada por Grobet et al. (1997).

Outros resultados relevantes identificando mutações pontuais são obtidos na literatura em muitas espécies de animais domésticos. Contudo, verifica-se que a alteração de um gene, ao acaso, tem grande probabilidade de ter conseqüências indesejáveis. Apenas uma pequena percentagem das mutações parece ter um efeito positivo (CHARLIER et al., 1995).

Um exemplo clássico de mutação benéfica é o caso da prolificidade identificada em ovinos da raça Merino australiana, linhagem Booroola, resultante da mutação do gene Booroola (FecB) no receptor BMP-1B (WILSON et al., 2001). Piper et al. (1985) afirmaram que o efeito do FecB era aditivo para a ovulação, sendo que duas cópias de FecB aumentam o número de ovulações cerca de 1,6 vezes.

Antes que as razões para existência da variabilidade genética possam ser completamente entendidas, será necessário saber qual o papel da mutação em restaurar o que é perdido, por oscilação genética ou mediante a seleção (FALCONER, 1987).

A mutação é tida como um processo sistemático que altera a frequência gênica e pode atuar de duas formas (FALCONER, 1987):

a) dando origem apenas a um gene ou cromossomo mutante, não se repetindo com frequência. Somente em casos excepcionais, quando a mutação produzir um alelo de alto valor adaptativo, existe a possibilidade de o gene mutante ser mantido pela seleção na população e, mesmo nesta condição, a sua influência na alteração da frequência gênica será muito pequena a curto prazo, e;

b) quando a mutação se repetir regularmente, com frequência determinada e, em população grande, dificilmente o alelo mutante se perderá em consequência da variação devida à amostragem.

As mutações podem ser induzidas ou espontâneas. Em ambos os casos, pode-se considerar que as mutações são recorrentes, ou seja, não são eventos únicos (FALCONER, 1987). Seja para sítio de nucleotídeo, aminoácido ou para genes inteiros, a probabilidade de ocorrência de mutação é a chamada taxa. As taxas de mutação são expressas em termos de proporção de gametas mutantes que aparecem por geração por gene (ou por sítio).

A taxa de ocorrência de mutações naturais é bastante baixa, variando com a espécie animal, com o tecido onde ocorre, com o tipo de gene que se depara com o agente causador, etc. Segundo Falconer (1987), medidas de taxas de mutação indicam valores desde 1:10.000 a 1:100.000.000 por pares de base por geração (um em dez mil a um em 100 milhões de gametas). Ainda segundo o autor, com taxa normal de mutação, a mutação em si pode produzir apenas mudanças muito lentas na frequência gênica.

2.2 Endogamia e sistemas de acasalamento

A endogamia é o acasalamento de indivíduos cujo parentesco entre si é maior que o grau de parentesco médio existente na população (LUSH, 1945). O grau de semelhança entre parentes fornece um meio de estimar a quantidade de variância aditiva e é a quantidade proporcional de variância aditiva que, principalmente, determina o melhor método de acasalamento a ser usado em programas de melhoramento.

Segundo Falconer e Mackay (1996), a principal consequência causada pela endogamia é o fenômeno conhecido como depressão endogâmica e se manifesta pela redução do valor médio fenotípico em caracteres relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica. Uma vez que as frequências gênicas na população, como um todo, não mudam com a endogamia, qualquer mudança da média da população deverá ser atribuída às mudanças de frequências genotípicas. Portanto, certa mudança da média da população, com a endogamia, deve estar conectada com uma diferença de valor genotípico entre homozigotos e heterozigotos.

A necessidade de controlar a endogamia não se deve ao fato de a menor endogamia permitir uma melhor utilização da variabilidade genética disponível e a redução na depressão endogâmica nas características selecionadas, mas também, porque há redução da performance das características relacionadas (MEUWISSEN e WOOLLIANS, 1994). Com o uso crescente de métodos de seleção mais acurados, como aqueles que se baseiam nas estimativas de valores genéticos (BLUP, BLUPM), é possível que o nível de endogamia em rebanhos fechados aumente rapidamente (BELONSKY e KENNEDY, 1988), pois animais mais aparentados têm valores genéticos similares, o que torna mais possível a co-seleção de parentes.

O efeito da endogamia sobre características de importância econômica em gado de corte foi extensivamente revisado por Burrow (1993), mostrando que a endogamia do indivíduo tem efeito adverso consistente sobre as características de crescimento, do nascimento até a maturidade. Em geral, para cada aumento de 1% em F, correspondeu a decréscimo, em média, de 0,06, 0,44, 0,69 e 1,30 kg nos pesos ao nascer, à desmama, pós-desmama (12 ou 18 meses de idade) e à maturidade, respectivamente.

Nos últimos anos, diferentes métodos têm sido propostos para reduzir as taxas de endogamia em programas de melhoramento genético, enquanto se busca manter os ganhos genéticos no mesmo nível. Neste caso, os sistemas de acasalamento podem ser utilizados como uma ferramenta capaz de alterar a constituição das populações, sendo que os acasalamentos entre parentes podem ser realizados ou evitados propositalmente a fim de atender os objetivos do programa (WANG et al., 1999).

Assim, diferentes sistemas de acasalamento têm sido utilizados com a finalidade de reduzir as taxas de endogamia em populações submetidas à seleção, dentre estes, os métodos de acasalamento não aleatórios. Considerando médio ou longo prazo, a redução na taxa de endogamia, devido aos acasalamentos não aleatórios irá compensar a

perda na variância, assim, espera-se que as respostas sejam similares ou maiores do que sob acasalamento ao acaso (CABALLERO et al., 1996).

O acasalamento de mínima coancestralidade é o tipo de acasalamento em que a média do coeficiente de coancestralidade do par acasalado, entre os animais selecionados, é minimizada. A formação dos pares é obtida através da utilização de algoritmos de programação linear (PRESS et al., 1992, citado por CABALLERO et al., 1996). Considerando N_m machos selecionados e N_f fêmeas acasaladas, a matriz de acasalamento x_{ij} é construída de modo que $\sum_{i=1}^{N_m} \sum_{j=1}^{N_f} x_{ij} \theta_{ij}$, seja mínimo. Onde θ_{ij} é a coancestralidade entre o macho i e a fêmeas j , sendo impostas as seguintes restrições:

$$x_{ij}=0 \text{ ou } 1; \sum_{i=1}^{N_m} x_{ij} = 1; \sum_{j=1}^{N_f} x_{ij} = \frac{N_f}{N_m}.$$

O sistema de acasalamento compensatório foi descrito por Santiago e Caballero (1995), sendo que o primeiro passo consiste no ordenamento das famílias de acordo com o número de indivíduos selecionados, e então se realiza o acasalamento dos machos melhores classificados com as fêmeas com pior classificação, sequencialmente. Na situação em que ocorra número diferente de pais machos e fêmeas, os animais podem ser ordenados de acordo com a soma do número de irmãos completos selecionados, mais o número de meio-irmãos selecionados, sendo que os machos recebem a ponderação de N_f/N_m para refletir a sua contribuição diferenciada em relação a das fêmeas.

Segundo Fernández (2003), em situações com menor endogamia, o sistema de acasalamento compensatório é mais eficiente (seleção fenotípica ou população de grande tamanho efetivo) e o de mínima coancestralidade é mais eficiente sob alta endogamia (seleção pelo BLUP, baixa herdabilidade e população de pequeno tamanho efetivo).

O método de acasalamento ao acaso, dentre os diferentes sistemas de acasalamento, é o mais simples e consiste na alocação aleatória dos machos e fêmeas selecionados, ou seja, o acasalamento ocorre ao acaso em relação aos genótipos existentes. Segundo Falconer (1987), a probabilidade de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à frequência do genótipo na população.

Utilizando dados simulados em nível de gene, Pereira Filho (2005) avaliou o efeito de diferentes sistemas de acasalamento sobre os valores fenotípicos médios e a endogamia média em populações selecionadas por critério de seleção individual ou

baseadas nos valores genéticos preditos pelo BLUP por 30 gerações. Os sistemas de acasalamento avaliados foram o de reprodutores acasalados aleatoriamente, melhores machos com melhores fêmeas, o de exclusão de irmãos completos e meio-irmãos e o acasalamento compensatório. O autor concluiu que o sistema de acasalamento de melhores machos com melhores fêmeas foi o que proporcionou maiores valores de endogamia média, ao final de trinta gerações de seleção pelo BLUP, seguido do sistema de reprodutores acasalados aleatoriamente e logo após pelo sistema que excluiu o acasalamento ente irmãos completos e meio-irmãos.

Ainda, de acordo com Pereira Filho (2005), o sistema de acasalamento compensatório foi o que se mostrou mais eficiente em diminuir o coeficiente de endogamia média, principalmente utilizando a metodologia BLUP.

Cunha et al. (2004) avaliaram cinco tipos de acasalamento, em populações de diferentes razões sexuais submetidas à seleção pelo BLUP, utilizando dados simulados durante 50 gerações, com a seguinte estrutura das populações de seleção: valores de razão sexual: 10, 20, 25 e 50; números de machos selecionados por geração: 10, 5, 4 e 2; tamanhos efetivos de população: 36,36; 19,05; 15,38; e 7,84, respectivamente. Em cada valor de razão sexual, as populações foram acasaladas segundo um dos tipos de acasalamento: acasalamentos preferenciais de meios-irmãos e irmãos completos, acasalamentos preferenciais entre meio-irmãos, acasalamentos ao acaso, exclusão de acasalamentos entre irmãos completos e exclusão de acasalamentos de meio-irmãos e irmãos completos. Os parâmetros genéticos avaliados foram valores fenotípicos médios e consangüinidade média por geração. Quando o menor valor de razão sexual foi utilizado, os autores verificaram melhor desempenho fenotípico de todos os tipos de acasalamento. Os tipos de acasalamento que não permitiram acasalar irmãos proporcionaram maiores ganhos fenotípicos e foram os mais efetivos no controle da consangüinidade, no curto prazo, embora não tivessem impedido seu aumento e acúmulo, ao longo das gerações.

2.3 Pequenas populações e oscilação genética

Sob acasalamento ao acaso, em grandes populações e na ausência de mutação, migração e seleção, as frequências gênicas e genotípicas permanecem constantes, geração após geração. Entretanto, em pequenas populações, as frequências gênicas flutuam aleatoriamente ao longo das gerações, como resultado da amostragem de

gametas. Segundo Falconer (1987), em uma população grande, a variação atribuída à amostragem é tão pequena que pode ser desprezada. No entanto, a frequência de um gene mutante nunca é tão baixa que possa ocorrer a perda completa pelo mesmo processo.

Dentre os agentes que atuam no processo de transmissão dos genes de uma geração para a próxima, o tamanho efetivo da população é muito importante, pois fornece medida da taxa de oscilação genética e endogamia de uma população (CABALLERO, 1994).

Neste sentido, populações com tamanhos efetivos reduzidos tendem a decrescer a resposta a seleção (FALCONER, 1987), sendo que estas observações podem ser atribuídas à oscilação genética (ROBERTSON, 1960). Entretanto, outros fatores podem influenciar a resposta a seleção para uma única característica como a variabilidade genética, intervalo de geração, intensidade de seleção e a acurácia da seleção.

Segundo Carneiro et al. (2006), a curto prazo, a resposta a seleção é influenciada pelo diferencial de seleção, pela depressão endogâmica e pela redução na variância genética atribuída à oscilação genética. A longo prazo, a resposta a seleção é influenciada pelo limite de seleção e pela utilização de novas variações originadas por mutação.

Neste sentido, Hill (1982) sugere que as mutações têm uma participação muito importante na seleção a longo prazo. Este autor acredita que as mutações que ocorrem ao longo do tempo possam ser mais importante que as variações presentes nas populações iniciais.

Carneiro et al. (2006), trabalhando com populações simuladas durante 20 gerações com o objetivo de avaliar o efeito da oscilação genética em populações sob seleção com diferentes tamanhos efetivos, verificaram que em pequenas populações sob seleção os resultados podem ser influenciados pela oscilação genética, podendo apresentar grandes variações nos ganhos genéticos.

Metodologias como o BLUP e os núcleos MOET têm sido desenvolvidas no melhoramento animal com a finalidade de incrementar a resposta a seleção (MEUWISSEN e WOOLLIAMS, 1994). Entretanto, Carneiro et al. (2006) relatam que para esses métodos as taxas de endogamia são aumentadas, de modo mais intenso em pequenas populações, como no caso de núcleos MOET e de pequenos núcleos para conservação genética.

Neste sentido, Souza (2008) avaliando a superioridade da aplicação da biotecnologia de múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) no melhoramento genético de bovinos, através de dados simulados, verificou que o uso desta biotecnologia aumentou o valor fenotípico e a endogamia com redução na variância genética aditiva.

2.4 Simulação de dados

O avanço alcançado nos últimos anos pelo desenvolvimento de metodologias mais acuradas de avaliação genética, difundidas pela facilidade da utilização dos recursos computacionais e, mais recentemente, com o uso da biologia molecular, requer uma reavaliação administrativa que assegure qualidade dos dados ao longo de todo o processo. Dados coletados de forma inadequada ou com registros incorretos provocam estimativas incorretas e acumulativamente prejudiciais ao longo do tempo.

Nos atuais programas de melhoramento, mais especificamente de suínos e aves, os erros de pedigree ocorrem basicamente em nível de campo, quando da coleta dos dados, e durante o processo de digitação dos mesmos, de forma que esses erros prejudicam as avaliações genéticas. Assim, recentemente, tem-se estudado a possibilidade da utilização de informações de similaridade genética, via marcadores moleculares, na aplicação da metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP.

Neste contexto, a simulação tem sido muito utilizada nas mais diversas áreas considerando que informações importantes podem ser extraídas de um sistema simulado, com menor custo e maior rapidez.

A simulação é um método que possibilita a análise do comportamento de determinado processo, por meio da construção de modelos, representados por ferramentas matemáticas ou computacionais, com a finalidade de encontrar alternativas pertinentes ao sistema real estudado.

Segundo Muir (1997), as simulações de estruturas genéticas em computadores dividem-se em duas categorias: simulações baseadas em número infinito de *loci*, caracterizando o modelo infinitesimal, e simulações em nível de genes, chamado modelo de gene.

O modelo infinitesimal, introduzido por Fisher (1918), citado por Assis (2005), pressupõe que:

- Um número muito grande de *loci* (estritamente infinito) governa a característica de interesse;
- Cada *locus* contribui com efeito infinitesimalmente pequeno para a variância genética aditiva;
- Os *loci* possuem somente ação aditiva, sendo desconsiderada a existência de dominância e epistasia;
- A segregação ocorre independentemente, ou seja, não há ligação entre os genes.

O uso do modelo infinitesimal é questionado por diversos autores. Hill (1999) enfatiza que o modelo infinitesimal é apenas um modelo e não uma situação real, uma vez que o genoma não possui infinitos genes aditivos, não-ligados e de efeitos infinitesimalmente pequenos.

As simulações, em nível de genes, possibilitam a especificação do número de cromossomos, número de *loci*, número de alelos por *locus* e promove distribuições para efeitos de gene e de ambiente, caracterizando um modelo poligênico finito, introduzido por Muir (1997).

Segundo Muniz (1999), a técnica de simulação possui várias vantagens e desvantagens. Dentre as vantagens, podem ser citadas:

- Analisa sistemas complexos que não podem ser solucionados analiticamente;
- Possibilita antever os possíveis problemas que ocorrem quando da implantação de um sistema real;
- Reduz o tempo e o custo de implantação de um sistema real, eliminando a realização de experimentos; e
- Permite uma melhor compreensão do sistema como um todo.

A técnica de simulação em nível de genes foi utilizada por vários autores com objetivos diversos (BREDA et al., 2004, CUNHA et al., 2004, MALHADO et al., 2004, JANGARELLI, 2007 e CARNEIRO et al., 2007).

Carneiro et al. (2007), utilizaram dados simulados com o objetivo de avaliar o coeficiente de endogamia, a fixação de alelos e o limite de seleção em populações selecionadas durante 20 gerações, onde a seleção foi baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP clássico (BLUP) e pelo BLUP marcadores (BLUPM) e na seleção individual (SI) utilizando diferentes sistemas de acasalamento. Os autores observaram

maior incremento de endogamia para o BLUPM, seguido pelo BLUP e SI e concluíram que a resposta a seleção se reduz a longo prazo quando utiliza-se os métodos BLUP e BLUPM em virtude do incremento da endogamia, das perdas por fixação e da redução no limite a seleção.

Cunha et al. (2004) estudaram populações sob cinco diferentes tipos de acasalamento submetidas à seleção baseada no BLUP. Ao avaliarem as perdas genéticas por fixação de alelos desfavoráveis e limite de seleção, os autores verificaram valores percentuais menores para os *loci* fixados desfavoravelmente e limite de seleção maiores no maior tamanho efetivo de população estudado (36,36).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Obtenção dos dados

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados com o programa GENESYS (*Genetic System*), versão 2009, desenvolvido para o compilador FORTRAN. Este sistema de simulação, da categoria em nível de gene, possibilita o teste de inúmeras pressuposições e metodologias de seleção clássicas e modernas, na área de Genética e Melhoramento, por meio da simulação de genomas e estruturas populacionais apropriadas.

3.2 Especificação do genoma

Para possibilitar o desenvolvimento deste trabalho, foram simulados, separadamente, doze genomas constituídos de uma única característica quantitativa que se distingue entre si pelo valor da herdabilidade e pela taxa de mutação. Foram simulados dois valores de herdabilidade para a característica em estudo: herdabilidade alta ($h^2 = 0,60$) e herdabilidade baixa ($h^2 = 0,20$) e três taxas de mutação: $M_1 = 1:10.000$; $M_2 = 1: 100.000$; $M_3 = 1:1.000.000$. Essas taxas de mutação são expressas em termos de proporção de mutações/*locus*/geração, indicando a probabilidade de que 1(um) em cada 10.000, 100.000 ou 1.000.000 de genes simulados ocorrerá uma mutação.

Todos os genomas simulados, para esse estudo, possuíam as seguintes características em comum:

- a) genomas com 1354 centimorgans de comprimento;
- b) 60 cromossomos de tamanho aleatório, com uma variação no tamanho de 20%;
- c) 100 *loci* quantitativos (QTL) associados à característica;
- d) foram considerados apenas os efeitos aditivos, desconsiderando-se qualquer efeito de dominância ou interações entre si;
- e) os efeitos de ambiente não controláveis foram simulados conforme a distribuição normal;
- f) não foi considerado efeito fixo para fins deste estudo;
- g) as frequências gênicas iniciais, em ambos os sexos, foram iguais;
- h) as frequências gênicas iniciais dos *loci* quantitativos foram simuladas com distribuição normal, apresentando valores próximos a 0,50; a média fenotípica e o desvio padrão foram iguais para os doze genomas, 181kg e 24,3kg, respectivamente; estes valores foram escolhidos arbitrariamente e com o intuito de se assemelharem com a característica peso aos 210 dias (P210D), de bovinos de corte. A seleção foi direcionada para o incremento do valor fenotípico da característica.

3.3 Estruturas populacionais

A partir de cada genoma simulado foi obtida inicialmente uma população-base, constituída de 3.000 indivíduos com taxa endogâmica igual a zero e proporção igual entre machos e fêmeas, todos heterozigotos.

A partir de cada população-base simulada foram amostrados aleatoriamente 10 machos e 250 fêmeas. Por meio do acasalamento desses indivíduos amostrados, foram obtidas as populações iniciais, num total de doze populações, apresentando as seguintes estruturas:

- a) seis populações iniciais constituídas de 1250 indivíduos correspondentes a um número de 5 descendentes por fêmea;
- b) seis populações iniciais com 500 indivíduos correspondente a um número de 2 descendentes por fêmea.

Depois de formadas as populações iniciais, teve início a formação das populações de seleção, num total de trinta e seis, correspondendo a duas intensidades de

seleção (IS1 = Maior Intensidade de Seleção; IS2 = Menor Intensidade de Seleção), três taxas de mutação ($M_1=1:10.000$; $M_2 =1:100.000$; $M_3=1:1.000.000$) e três sistemas de acasalamento (RAA=Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC=Exclusão de Irmãos Completos; EICMI=Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos), conforme mostra o Quadro 1.

Quadro 1 – Estrutura das populações sob seleção, para cada h^2 considerada em estudo

Taxas de Mutação	Sistemas de acasalamento/ Intensidade de seleção					
	RAA		EIC		EICMI	
	IS1	IS2	IS1	IS2	IS1	IS2
M_1	IS1 M_1 RAA	IS2 M_1 RAA	IS1 M_1 EIC	IS2 M_1 EIC	IS1 M_1 EICMI	IS2 M_1 EICMI
M_2	IS1 M_2 RAA	IS2 M_2 RAA	IS1 M_2 EIC	IS2 M_2 EIC	IS1 M_2 EICMI	IS2 M_2 EICMI
M_3	IS1 M_3 RAA	IS2 M_3 RAA	IS1 M_3 EIC	IS2 M_3 EIC	IS1 M_3 EICMI	IS2 M_3 EICMI

M_1 = taxa de mutação 1:10.000; M_2 = taxa de mutação 1:100.000; M_3 = taxa de mutação 1:1.000.000; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos; IS1 = Maior Intensidade de Seleção e IS2 = Menor Intensidade de Seleção.

Os acasalamentos eram praticados entre os reprodutores que tiveram os melhores desempenhos, sendo estes escolhidos para pais da geração seguinte, tendo por base a seleção individual. Este método de seleção foi praticado por 20 gerações consecutivas e para minimizar os efeitos da flutuação gênica, foram efetuadas 5 repetições por geração.

Para as populações com maior intensidade de seleção (IS1), em cada geração, foram escolhidos 10 machos e 250 fêmeas e gerados 5 descendentes por acasalamento, totalizando 1250 indivíduos, com igual proporção entre machos e fêmeas (625 machos e 625 fêmeas), correspondendo a uma intensidade de seleção de 2,47 e 0,97 dos machos e das fêmeas selecionados, respectivamente. Já para as populações com menor intensidade de seleção (IS2) foram escolhidos o mesmo número de machos e fêmeas (10 e 250), respectivamente, gerando apenas 2 descendentes por acasalamento, totalizando 500 indivíduos, com igual proporção entre machos e fêmeas (250 machos e 250 fêmeas) correspondendo a uma intensidade de seleção de 2,16 para os machos. As populações tiveram em comum o mesmo tamanho efetivo, de 38,46.

As taxas de mutação, consideradas neste estudo, se diferenciam pela probabilidade de ocorrência de mutações e são expressas em termos de proporção de

mutações/*locus*/geração. A taxa M_1 (1:10.000) indica a probabilidade de que 1 (um) em cada 10.000 genes simulados ocorrerá mutação; a taxa M_2 (1:100.000) indica a probabilidade de que 1 (um) em cada 100.000 genes simulados ocorrerá mutação; a taxa M_3 (1:1.000.000) indica a probabilidade de que 1 (um) em cada 1.000.000 de genes simulados ocorrerá mutação;

Para calcular o tamanho efetivo, utilizou-se a fórmula proposta por Wright (1931), citada por Falconer (1987):

$$N_e = \frac{4N_m N_f}{N_m + N_f}, \text{ sendo } N_m = \text{número de machos; } N_f = \text{número de fêmeas, efetivamente}$$

acasalados e N_e = tamanho efetivo da população.

3.4 Parâmetros avaliados

Para avaliar o efeito das taxas de mutação nas populações sob seleção, utilizou-se o valor fenotípico, a endogamia, a fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis e o limite de seleção nos diferentes sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e intensidades de seleção (IS1 e IS2), no decorrer das gerações.

3.4.1 Valor fenotípico

Foi calculado por meio da seguinte fórmula: $P_i = G_i + E_i$, em que P_i representa o valor fenotípico do indivíduo i , G_i é o valor genético do indivíduo i e E_i é o efeito do ambiente sobre o indivíduo i .

3.4.2 Endogamia média

Foi calculado o coeficiente de endogamia individual, a cada geração, utilizando-se o método de Meuwissen e Luo (1992), que considera todo o pedigree de cada indivíduo.

3.4.3 Fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis

Foi calculada a percentagem de alelos desfavoráveis e favoráveis fixados, em função da relação entre o número de *locus* com alelos desfavoráveis e favoráveis fixados e o número total de *loci* quantitativos para a característica em estudo.

3.4.4 Limite de seleção

Este parâmetro foi definido de acordo com a probabilidade de fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis. Alcança valores máximos quando ocorre a fixação de todos os alelos favoráveis e se reduz quando alelos desfavoráveis são fixados.

Em cada parâmetro, foi considerado um valor médio, obtido pela soma dos valores individuais e dividido pelo número de animais presente na geração. Porém, como foram realizadas 5 repetições, este valor médio obtido, em cada geração, também foi somado e dividido por 5 (nº de repetições) para representar um valor único.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$)

4.1.1 Valor Fenotípico

Nas figuras 2 e 3 são apresentados os valores fenotípicos, por geração, de populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, para duas intensidades de seleção (IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 1 e 2.

Independentemente das taxas de mutação, os valores fenotípicos das populações aumentaram, ao longo das gerações, em todos os sistemas de acasalamento e intensidades de seleção. Conforme esperado, na seleção individual, ao se escolher os melhores indivíduos, a cada geração, é proporcionado um diferencial de seleção cumulativo (Figuras 2 e 3). Por outro lado, para esta característica de alta herdabilidade, o valor fenotípico é um bom indicador do valor genotípico, garantindo, portanto, o sucesso da estratégia de seleção que está sendo adotada.

Para as populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), Figura 2 e Tabela 1, observa-se um maior acréscimo dos valores fenotípicos na taxa de maior

ocorrência de mutações (M_1) em relação às demais taxas, ao longo das gerações estudadas. Entretanto, entre as menores taxas (M_2 e M_3), os valores fenotípicos pouco diferiram entre si, notadamente até a 12ª geração, quando verificou-se tendência de aceleração dos valores fenotípicos nas populações de taxa 1:1.000.000. Por outro lado, a longo prazo, observa-se que a resposta a seleção mostra uma tendência de estabilização, provavelmente em virtude do aumento da fixação dos alelos. Segundo Falconer (1987), após um determinado número de gerações, todos os alelos favoráveis, que estejam segregando, serão fixados.

A superioridade dos valores fenotípicos apresentados pela população submetida a maior taxa de mutação (1:10.000) pode ser explicada da seguinte forma: possivelmente, a maior taxa de mutação (M_1) tenha resultado em maior variabilidade genética, e conseqüentemente, em maiores ganhos, a curto e médio prazos. Neste sentido, deve-se levar em consideração o efeito das mutações e a introdução de novos genótipos que aumentam a variabilidade genética entre populações a partir de novas formas alélicas (FALCONER, 1987).

Segundo Falconer (1987), quando portadores de genes mutantes são favorecidos pela seleção individual, uma explicação é de que o gene tem um efeito favorável no caráter que está sendo selecionado ou pode estar estreitamente ligado a um gene que afeta a característica sob seleção.

Na Figura 2 pode-se observar que os valores fenotípicos apresentaram pequenas diferenças, com relação aos diferentes tipos de acasalamento nas populações IS1 (maior intensidade de seleção). De um modo geral, os tipos de acasalamento que excluíram acasalamentos entre irmãos (EIC e EICMI) proporcionaram os melhores resultados fenotípicos, somente para a menor taxa de mutação estudada ($M_3 = 1:1.000.000$). Entretanto, as populações submetidas às taxas de mutação M_1 e M_2 (1:10.000 e 1:100.000) apresentaram aumento nos valores fenotípicos de forma diferenciada: para a taxa M_1 , os melhores resultados fenotípicos foram proporcionados pelos sistemas RAA e EIC e para a taxa M_2 foram os sistemas RAA e EICMI. Estes resultados mostram que, sob maior intensidade de seleção, a maior ocorrência de mutações nas populações sob seleção é tão ou mais importante que os sistemas de acasalamento.

Para as populações submetidas à menor intensidade de seleção (IS2), verificou-se aumentos constantes nos valores fenotípicos, porém em menor magnitude, para todas as combinações de taxas de mutação, sob os diferentes sistemas de acasalamento, ao

longo das gerações, sem nítida distinção entre as taxas de mutação (Figura 3 e Tabela 2).

Estes resultados eram esperados, quando comparados aos das populações submetidas à maior intensidade de seleção, Figura 2, considerando-se que quanto maior a intensidade de seleção, maior o progresso genético esperado. De acordo com Muir (2000), entre os principais fatores que influem na resposta à seleção, além do tamanho efetivo da população, estão a acurácia da seleção e a intensidade de seleção.

Para os diferentes sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI), não foram observadas grandes diferenças com relação aos valores fenotípicos nas populações submetidas a menor intensidade de seleção (Figura 3). Entretanto, pareceu haver tendência de aumento dos valores fenotípicos quando se passa do sistema de acasalamento de reprodutores ao acaso (RAA) para EIC e deste para EICMI, para todas as taxas de mutação, ao longo 20 gerações de seleção. Isto pode estar relacionado ao fato de que os sistemas que excluem acasalamentos entre irmãos (EIC e EICMI) são mais efetivos em exercerem maior controle da taxa de endogamia.

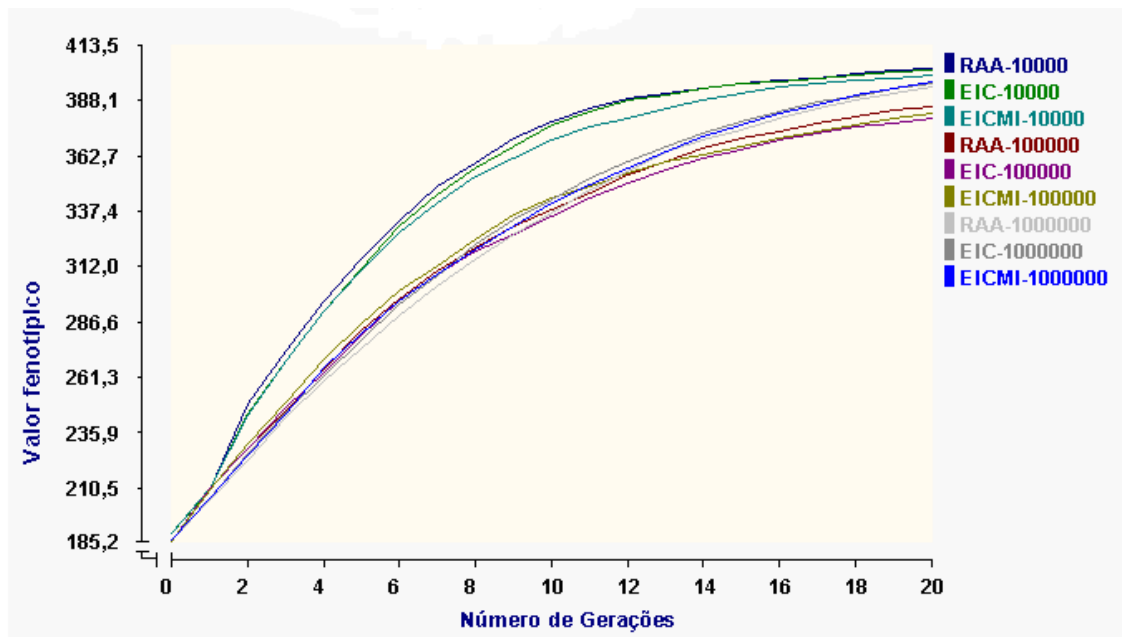


Figura 2. Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

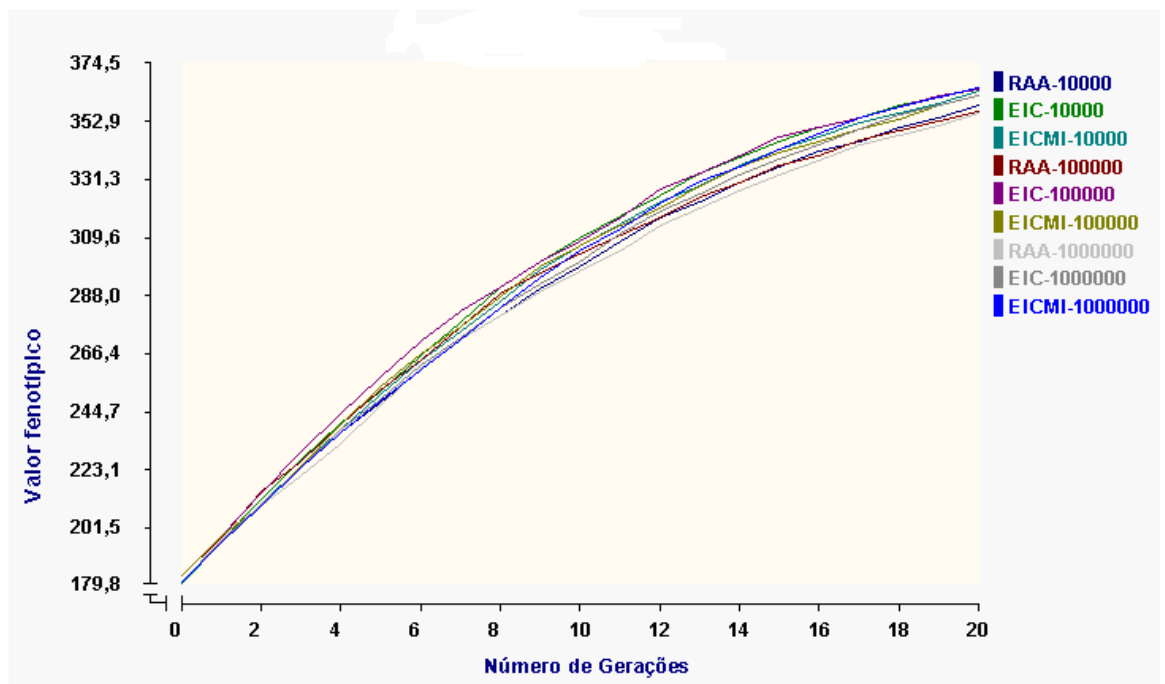


Figura 3. Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2) sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

Tabela 1. Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	187.98	187.98	187.98	185.23	185.23	185.23	185.49	185.49	185.49
1	208.11	208.45	209.10	209.05	209.62	208.56	204.32	205.11	205.08
2	248.18	243.35	242.46	227.96	227.70	229.57	222.77	225.07	224.33
3	272.92	268.47	268.41	245.31	246.25	249.31	241.76	244.75	243.65
4	295.80	291.35	290.92	263.92	263.17	268.84	258.19	261.55	264.39
5	314.56	310.75	309.09	281.67	279.90	284.60	273.74	276.82	280.26
6	332.45	329.28	326.67	296.37	295.16	299.46	288.56	293.73	295.12
7	348.13	344.19	340.32	309.75	307.90	311.54	302.21	307.24	307.68
8	359.06	357.29	352.69	319.90	318.26	323.70	314.38	321.69	319.35
9	370.00	366.41	360.88	329.29	326.56	334.55	325.79	333.19	330.05
10	377.95	375.91	369.53	337.45	334.46	342.87	336.20	342.38	340.16
11	383.69	382.25	375.29	345.61	342.78	348.47	346.78	351.75	348.69
12	388.27	387.70	379.66	353.76	350.11	354.34	355.30	359.45	356.52
13	391.51	390.43	384.35	359.43	356.00	359.23	363.59	366.81	363.49
14	392.97	392.84	387.43	365.31	361.26	363.15	368.95	372.56	371.07
15	395.59	395.15	391.41	369.81	365.15	366.74	374.72	378.13	376.24
16	397.45	396.09	393.50	373.98	369.07	370.44	379.92	382.63	381.56
17	398.58	398.29	395.38	377.15	372.42	373.68	383.72	386.40	385.64
18	400.31	399.46	396.96	380.77	375.33	376.42	387.98	389.60	390.53
19	401.52	400.86	398.18	382.91	377.23	379.42	391.11	393.07	393.14
20	402.66	401.95	399.32	385.09	379.33	381.71	393.62	395.41	396.41

Tabela 2. Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de seleção individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	179.88	179.88	179.88	182.42	182.42	182.42	180.54	180.54	180.54
1	195.14	196.00	195.23	196.52	197.73	197.62	195.51	195.85	194.98
2	208.54	210.80	209.81	213.66	213.13	208.87	208.75	209.81	208.37
3	222.71	225.87	223.97	225.34	228.79	223.70	220.23	222.98	223.04
4	235.39	239.07	237.39	238.89	242.83	238.98	232.14	237.08	235.36
5	247.16	251.18	250.11	252.52	256.30	253.15	246.04	248.44	247.79
6	259.97	265.22	263.05	263.51	270.09	265.33	260.46	261.01	259.81
7	270.89	277.53	273.97	275.16	281.57	275.33	270.66	271.74	270.95
8	280.12	290.47	285.25	287.99	290.55	286.26	279.73	282.62	282.49
9	289.26	300.31	297.41	295.56	300.30	297.66	289.04	292.14	293.93
10	297.70	309.41	306.30	302.82	307.83	305.86	296.36	300.30	303.76
11	307.73	317.21	314.11	309.63	316.28	313.25	304.18	310.24	311.92
12	316.21	324.57	322.25	316.63	326.69	320.17	313.22	318.75	322.15
13	322.76	333.24	328.60	323.82	333.24	328.36	320.28	325.43	329.92
14	329.32	339.13	336.18	329.29	339.65	335.36	326.41	332.56	335.48
15	335.03	344.89	341.74	336.23	346.23	340.85	331.98	337.96	342.31
16	341.08	350.32	346.84	340.09	350.53	344.99	337.90	343.15	348.32
17	345.34	353.86	351.77	345.44	353.64	349.74	343.27	349.49	354.03
18	350.33	358.59	355.80	348.72	358.10	352.93	347.22	354.64	357.58
19	354.13	361.13	359.21	352.75	362.14	358.18	350.64	358.42	361.32
20	358.37	364.88	363.50	356.22	364.76	362.02	355.66	362.07	365.33

4.1.2 Endogamia média

Nas Figuras 4 e 5 são apresentados os coeficientes médios de endogamia, por geração, em populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, considerando duas intensidades de seleção (IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 3 e 4.

Observou-se aumentos constantes nos valores de endogamia média, no decorrer das 20 gerações de seleção, para todos os tipos de acasalamento, taxas de mutação e intensidades de seleção, o que conduziu a valores elevados, a longo prazo, conforme esperado, pela própria prática da seleção contínua.

Quando se efetuou a comparação entre as figuras 4 e 5, observou-se que, de modo geral, as populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1) apresentaram maiores coeficientes de endogamia quando comparadas às populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), independentemente das taxas de mutação e dos sistemas de acasalamento utilizados. Estes resultados observados permitem ressaltar que, provavelmente, aumento na intensidade de seleção, poderá trazer como consequência aumento no coeficiente de endogamia.

Miglior e Burnside (1995) mostram que a utilização de alta intensidade de seleção, técnicas reprodutivas que exploram mais intensamente os animais (inseminação artificial, transferência de embriões e fertilização e produção de embriões *in vitro*), avaliações genéticas mais acuradas e classificação global de reprodutores aumentam a endogamia e reduzem o tamanho efetivo. Vários trabalhos mostram os eventuais efeitos prejudiciais causados pela endogamia sobre o desempenho de bovinos de corte (BURROW, 1993, AMARAL, 1986, DRUMOND, 1988 e SHIMBO et al., 2000). Alencar et al. (1981) mencionaram, na raça Canchim, redução de 1,49 kg no peso a desmama de machos para cada 1% de aumento do coeficiente de endogamia e de 0,98 kg para as fêmeas.

Ao se avaliar o aumento dos coeficientes de endogamia para os diferentes sistemas de acasalamento, (Figuras 4), observou-se que, quando os reprodutores

selecionados foram acasalados ao acaso (RAA), houve taxas maiores de endogamia e, quando foi excluído o acasalamento de irmãos (EIC e EICMI), observou-se que estes sistemas são mais efetivos no controle da taxa de endogamia. Estes resultados foram observados em todas as taxas de mutação, ao longo das gerações, para populações submetidas a maior intensidade de seleção. No entanto, verifica-se que na taxa de mutação de maior ocorrência (M_1) os coeficientes de endogamia apresentaram maior magnitude em relação às taxas M_2 e M_3 , para todos os sistemas de acasalamento.

De um modo geral, para as populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), figura 5, verificou-se aumentos constantes nos coeficientes médios de endogamia, porém, em menor magnitude, para todas as combinações de taxas de mutação, sob os diferentes sistemas de acasalamento, ao longo das gerações, sem nítida distinção entre as taxas de mutação. Entre os sistemas de acasalamento, verificou-se a mesma tendência relatada para as populações sob maior intensidade de seleção, ou seja, redução nos valores dos coeficientes ao passar do sistema de acasalamento ao acaso dos reprodutores (RAA) para os sistemas EIC e EICMI, respectivamente.

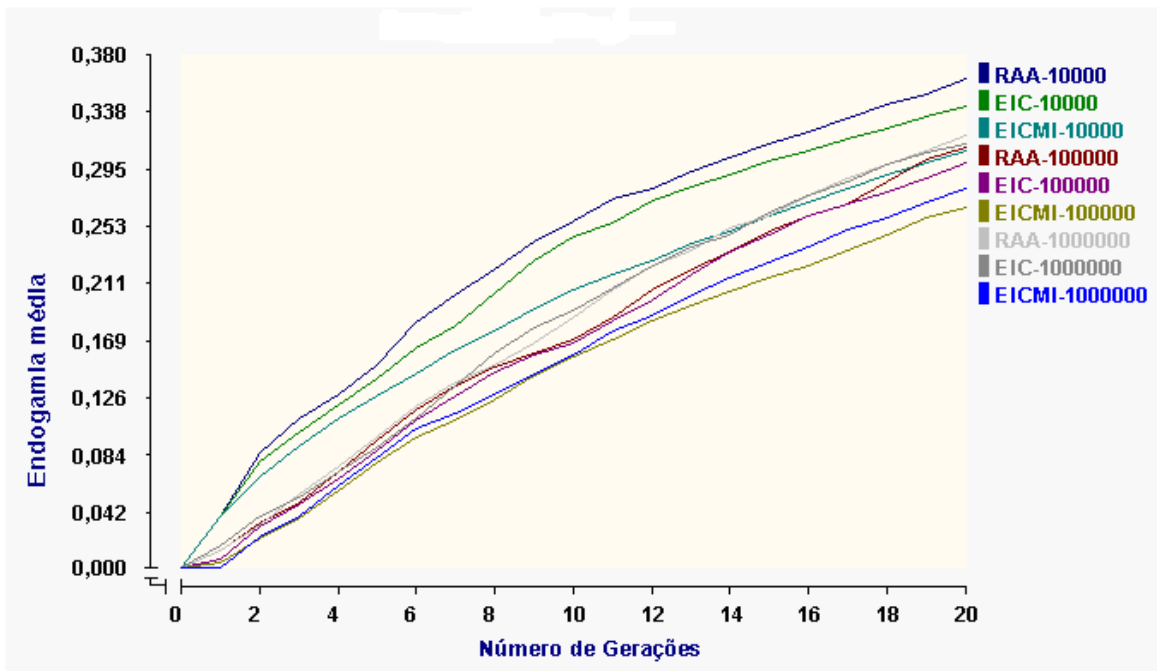


Figura 4. Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1) sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

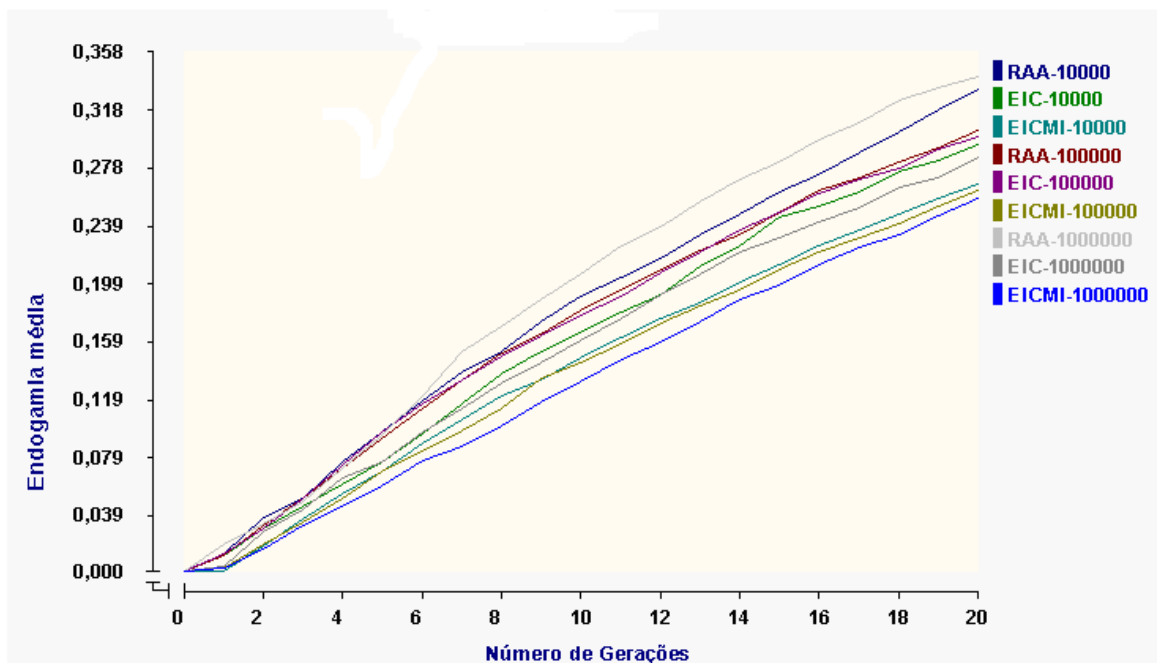


Figura 5. Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

Tabela 3. Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1	3.80	3.80	3.80	1.20	0.54	0.40	1.30	1.60	0.00
2	8.42	7.86	6.64	3.32	2.98	2.06	3.14	3.68	2.20
3	11.00	10.06	8.94	4.78	4.58	3.52	5.30	5.12	3.80
4	12.78	12.10	11.00	7.10	6.48	5.56	7.44	7.16	6.06
5	15.06	13.92	12.72	9.36	8.52	7.68	9.62	8.86	8.18
6	18.04	16.12	14.24	11.58	10.84	9.54	11.98	11.00	10.22
7	20.16	17.92	16.02	13.42	12.70	10.96	13.72	13.36	11.36
8	22.04	20.28	17.54	14.88	14.42	12.32	14.96	15.82	12.76
9	24.12	22.74	19.08	15.80	15.74	14.12	16.56	17.80	14.28
10	25.68	24.56	20.56	16.92	16.56	15.58	18.56	18.96	15.74
11	27.24	25.46	21.72	18.50	18.14	16.92	20.58	20.68	17.54
12	28.08	27.10	22.72	20.58	19.82	18.26	22.24	22.34	18.62
13	29.28	28.14	23.72	22.02	21.70	19.36	23.44	23.70	20.14
14	30.30	29.04	24.86	23.36	23.26	20.44	25.12	24.60	21.36
15	31.34	30.06	25.90	24.74	24.68	21.40	25.96	26.30	22.62
16	32.24	30.76	26.98	25.94	25.94	22.34	27.54	27.52	23.70
17	33.24	31.60	28.06	26.90	26.82	23.50	28.68	28.56	24.88
18	34.24	32.50	29.02	28.66	27.76	24.64	29.78	29.72	25.88
19	35.02	33.48	29.92	30.14	28.68	25.78	30.86	30.64	26.92
20	36.22	34.20	30.86	31.04	29.84	26.74	31.96	31.42	28.04

Tabela 4. Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1	1.20	1.02	0.00	1.00	1.16	0.20	1.80	0.32	0.20
2	3.60	2.96	1.68	3.16	2.98	1.80	3.24	2.66	1.48
3	5.00	4.44	3.56	5.04	5.00	3.32	4.72	4.18	3.16
4	7.56	6.06	5.28	7.08	7.22	5.08	7.16	6.36	4.50
5	9.64	7.48	6.82	9.12	9.54	6.76	9.32	7.52	5.88
6	11.82	9.42	8.78	11.28	11.54	8.18	12.02	9.52	7.62
7	13.78	11.54	10.40	13.20	13.12	9.68	15.08	11.18	8.68
8	15.16	13.60	12.08	15.02	14.82	11.26	16.90	12.90	10.04
9	17.18	15.14	13.22	16.40	16.20	13.30	18.76	14.48	11.68
10	18.96	16.50	14.76	17.94	17.54	14.40	20.50	15.92	13.08
11	20.22	17.88	16.06	19.38	18.94	15.68	22.44	17.46	14.58
12	21.64	19.10	17.50	20.78	20.58	16.98	23.84	19.10	15.82
13	23.24	20.98	18.56	22.08	22.00	18.22	25.50	20.42	17.22
14	24.58	22.48	19.90	23.28	23.46	19.44	26.96	21.94	18.66
15	26.08	24.34	21.20	24.72	24.74	20.74	28.22	22.98	19.70
16	27.32	25.18	22.46	26.22	26.04	22.06	29.74	24.10	21.16
17	28.84	26.12	23.54	27.04	27.02	22.98	30.96	24.98	22.24
18	30.34	27.56	24.68	28.27	27.80	23.96	32.42	26.38	23.66
19	31.80	28.38	25.70	29.24	29.00	25.20	33.30	27.08	24.52
20	33.14	29.48	26.68	30.40	30.04	26.24	34.16	28.46	25.76

4.1.3 Fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis

Nas figuras 6, 7, 8 e 9 são apresentados os percentuais de alelos desfavoráveis e favoráveis fixados, por geração, em populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, considerando duas intensidades de seleção ((IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 5, 6, 7 e 8.

De um modo geral, para as populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), verificou-se aumento nas taxas de fixação de alelos, por geração, tanto no sentido favorável quanto desfavorável, sob os diferentes sistemas de acasalamento. Na taxa de maior ocorrência de mutações (M_1) verifica-se aumento constante no percentual de alelos desfavoráveis fixados, porém, baixo percentual de alelos favoráveis fixados, por geração, Figuras 6 e 7, respectivamente. Possivelmente, este fato pode estar relacionado à maior ocorrência de mutações desfavoráveis, por *locus*, por geração, decorrente do aumento da taxa de mutação. Segundo Falconer (1987), os produtos de mutação são predominantemente deletérios e não é a mutação, mas a seleção que determina principalmente se um gene se propagará dentro de uma população ou permanecerá uma rara anormalidade, a não ser que a taxa de mutação seja muito mais alta do que parece ser em regra. Por outro lado, outro fator que deve ser levado em consideração é o efeito da endogamia. Segundo Falconer (1987), durante o processo de seleção, em termos teóricos, a endogamia tende a conduzir alelos desfavoráveis à fixação em alguns *loci*.

Entretanto, com relação às taxas M_2 e M_3 , observou-se baixo percentual de fixação de alelos no sentido desfavorável, porém, aumento constante no percentual de alelos fixados no sentido favorável, ao longo das gerações, sem distinção nítida entre as taxas (Figuras 6 e 7).

Ao se avaliar o percentual de alelos desfavoráveis fixados, em relação aos diferentes sistemas de acasalamento, observa-se que há nítida distinção entre os sistemas de acasalamento, na taxa com maior ocorrência de mutação (1:10.000), onde os sistemas que excluíram os acasalamentos entre irmãos (EIC e EICMI) resultaram em

menores percentuais de alelos desfavoráveis fixados (Figura 6). No entanto, observa-se que em relação ao percentual de alelos favoráveis fixados, de um modo geral, os sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) não diferiram entre si, ao longo das gerações, nas taxas de mutação M_2 e M_3 , (Figura 7).

Nas Figuras 8 e 9, observa-se que as populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS_2), apresentaram aumentos constantes no percentual de fixação de alelos, porém em menor magnitude, tanto no sentido favorável quanto desfavorável, sob os diferentes sistemas de acasalamento, para todas as taxas de ocorrência de mutações consideradas neste estudo.

Pelas Figuras 6, 7, 8 e 9, verifica-se que à medida que a intensidade de seleção aumenta, aumenta também o percentual de alelos favoráveis fixados e diminui o percentual de desfavoráveis fixados apenas para as taxas com menor ocorrência de mutações (M_2 e M_3). No entanto, verifica-se que quando o número de ocorrência de mutações por *locus* por geração (M_1) aumenta, o percentual de alelos favoráveis fixados diminui e o de alelos desfavoráveis aumenta. Segundo Miglior e Burnside (1995), a utilização de alta intensidade de seleção aumenta a endogamia.

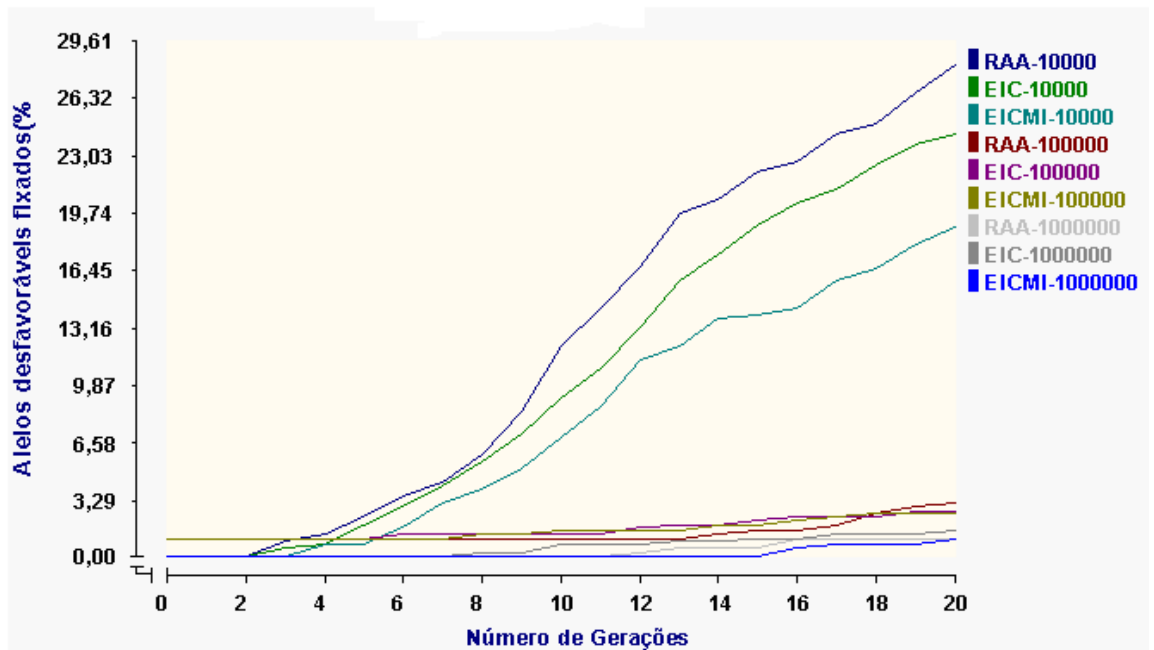


Figura 6. Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS_1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

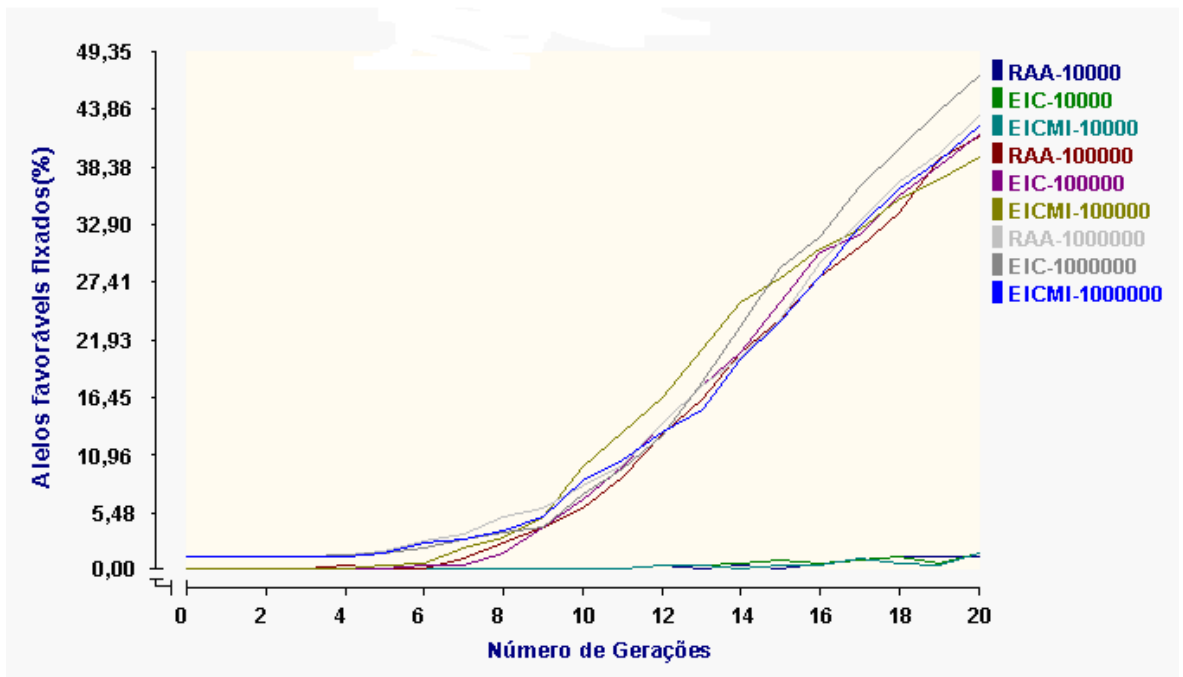


Figura 7. Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

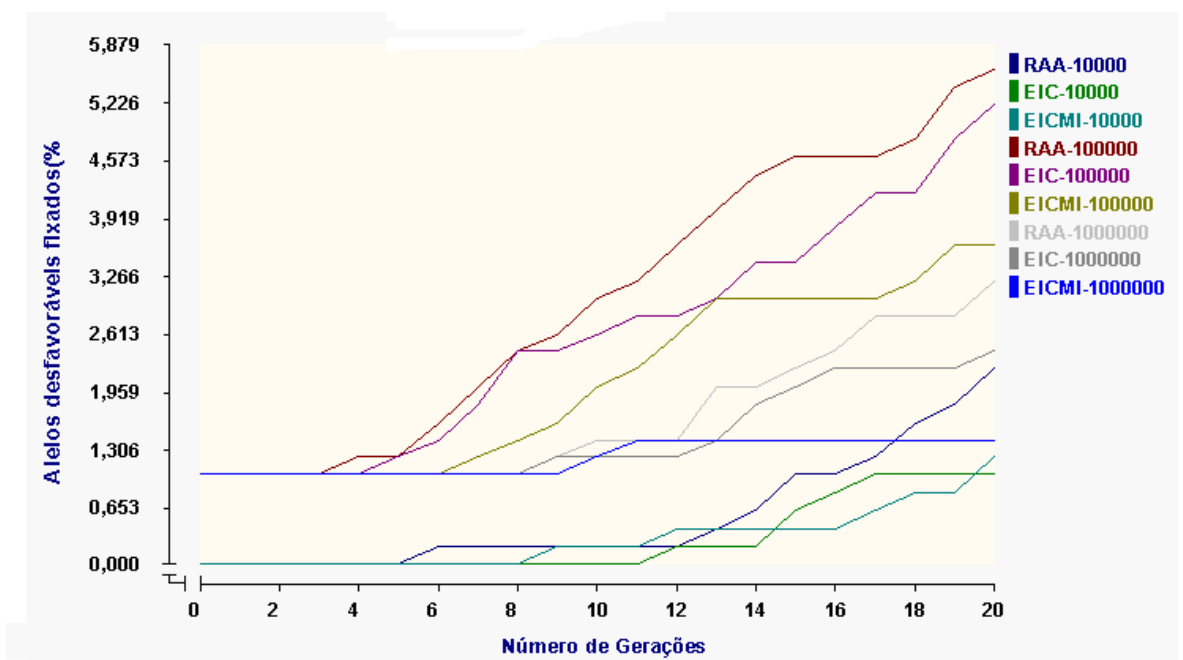


Figura 8. Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

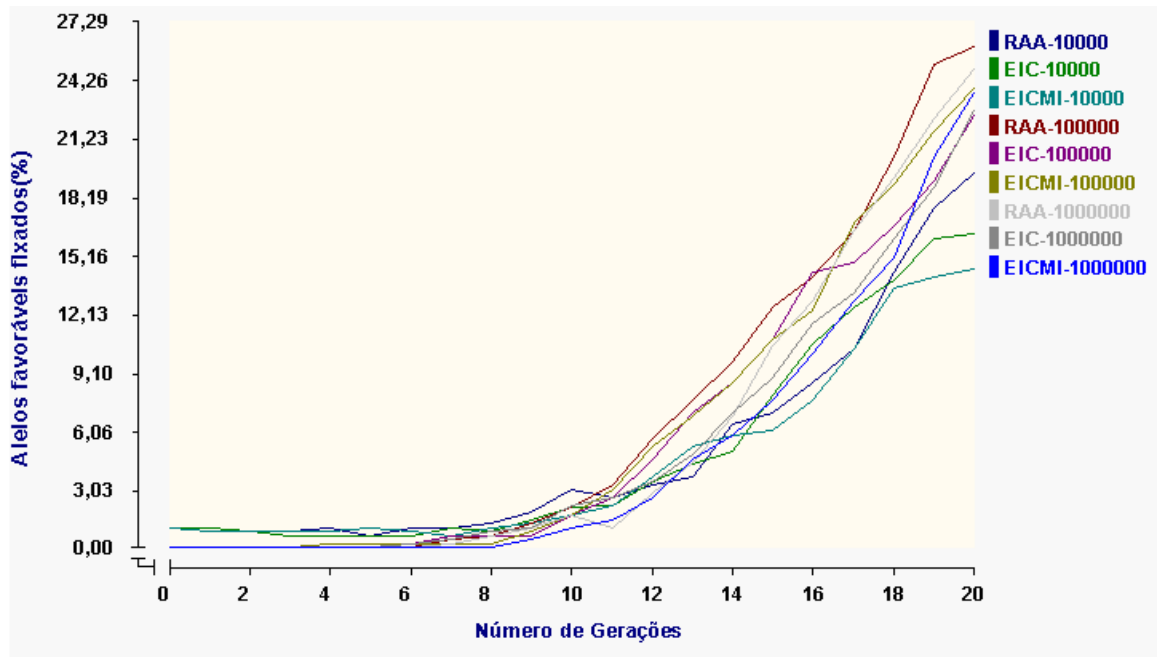


Figura 9. Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

Tabela 5. Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
1	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
2	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
3	0.800	0.400	0.000	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
4	1.200	0.600	0.600	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
5	2.200	1.800	0.600	1.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
6	3.400	2.800	1.600	1.000	1.200	1.000	0.000	0.000	0.000
7	4.200	4.000	3.000	1.000	1.200	1.000	0.000	0.000	0.000
8	5.800	5.400	3.800	1.000	1.200	1.200	0.000	0.200	0.000
9	8.200	7.000	5.000	1.000	1.200	1.200	0.000	0.200	0.000
10	12.000	9.000	6.800	1.000	1.200	1.400	0.000	0.600	0.000
11	14.200	10.800	8.600	1.000	1.200	1.400	0.000	0.600	0.000
12	16.600	13.200	11.200	1.000	1.600	1.400	0.200	0.600	0.000
13	19.600	15.800	12.000	1.000	1.800	1.400	0.400	0.800	0.000
14	20.400	17.200	13.600	1.200	1.800	1.800	0.400	0.800	0.000
15	22.000	19.000	13.800	1.400	2.000	1.800	0.400	1.000	0.000
16	22.600	20.200	14.200	1.400	2.200	2.000	1.000	1.000	0.400
17	24.200	21.000	15.800	1.800	2.200	2.200	1.000	1.200	0.600
18	24.800	22.400	16.400	2.400	2.200	2.400	1.000	1.200	0.600
19	26.600	23.600	17.800	2.800	2.600	2.400	1.000	1.200	0.600
20	28.200	24.200	18.800	3.000	2.600	2.400	1.000	1.400	1.000

Tabela 6. Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00
1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00
2	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00
3	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00
4	0.00	0.00	0.00	0.20	0.00	0.00	1.20	1.20	1.00
5	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.20	1.60	1.40	1.40
6	0.00	0.00	0.00	0.00	0.20	0.40	2.60	1.80	2.40
7	0.00	0.00	0.00	0.80	0.20	1.80	3.20	2.80	2.80
8	0.00	0.00	0.00	2.40	1.40	3.00	4.80	3.40	3.60
9	0.00	0.00	0.00	3.80	3.80	4.80	5.60	3.80	4.80
10	0.00	0.00	0.00	5.60	6.60	9.60	7.80	7.00	8.20
11	0.00	0.00	0.00	8.60	9.60	13.00	9.80	9.40	10.40
12	0.20	0.20	0.20	12.80	13.80	16.20	13.80	12.60	13.00
13	0.00	0.20	0.20	16.00	17.40	20.80	17.40	17.80	15.00
14	0.20	0.40	0.00	20.60	20.60	25.40	20.00	23.00	19.80
15	0.00	0.60	0.20	23.60	25.40	27.60	23.60	28.60	23.40
16	0.40	0.40	0.20	27.80	30.00	30.40	29.20	31.60	27.80
17	0.60	0.60	0.80	30.60	31.80	32.20	33.20	36.40	32.60
18	1.00	1.00	0.40	33.80	35.60	35.20	37.00	40.00	36.20
19	1.00	0.40	0.20	39.00	38.40	37.20	39.60	43.60	38.80
20	1.00	1.40	1.40	41.00	41.20	39.20	43.20	47.00	42.20

Tabela 7. Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
1	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
2	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
3	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
4	0.000	0.000	0.000	1.200	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
5	0.000	0.000	0.000	1.200	1.200	1.000	1.000	1.000	1.000
6	0.200	0.000	0.000	1.600	1.400	1.000	1.000	1.000	1.000
7	0.200	0.000	0.000	2.000	1.800	1.200	1.000	1.000	1.000
8	0.200	0.000	0.000	2.400	2.400	1.400	1.000	1.000	1.000
9	0.200	0.000	0.200	2.600	2.400	1.600	1.200	1.200	1.000
10	0.200	0.000	0.200	3.000	2.600	2.000	1.400	1.200	1.200
11	0.200	0.000	0.200	3.200	2.800	2.200	1.400	1.200	1.400
12	0.200	0.200	0.400	3.600	2.800	2.600	1.400	1.200	1.400
13	0.400	0.200	0.400	4.000	3.000	3.000	2.000	1.400	1.400
14	0.600	0.200	0.400	4.400	3.400	3.000	2.000	1.800	1.400
15	1.000	0.600	0.400	4.600	3.400	3.000	2.200	2.000	1.400
16	1.000	0.800	0.400	4.600	3.800	3.000	2.400	2.200	1.400
17	1.200	1.000	0.600	4.600	4.200	3.000	2.800	2.200	1.400
18	1.600	1.000	0.800	4.800	4.200	3.200	2.800	2.200	1.400
19	1.800	1.000	0.800	5.400	4.800	3.600	2.800	2.200	1.400
20	2.200	1.000	1.200	5.600	5.200	3.600	3.200	2.400	1.400

Tabela 8. Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1	1.00	1.00	0.80	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
2	0.80	0.80	0.80	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
3	0.80	0.60	0.80	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
4	1.00	0.60	0.80	0.20	0.00	0.20	0.00	0.00	0.00
5	0.60	0.60	1.00	0.00	0.00	0.20	0.00	0.00	0.00
6	1.00	0.60	0.80	0.00	0.20	0.20	0.00	0.20	0.00
7	1.00	1.00	0.60	0.40	0.60	0.20	0.20	0.40	0.00
8	1.20	0.80	1.00	0.60	0.60	0.20	0.60	0.80	0.00
9	1.80	1.40	1.20	1.20	0.60	0.80	1.00	1.00	0.40
10	3.00	2.00	1.60	2.00	1.60	1.60	1.60	2.20	1.00
11	2.60	2.20	2.20	3.20	2.60	3.00	1.00	2.60	1.40
12	3.20	3.40	3.60	5.60	4.60	5.20	2.80	3.40	2.60
13	3.60	4.20	5.20	7.60	7.00	6.80	4.40	4.80	4.60
14	6.40	5.00	5.80	9.60	8.60	8.60	6.80	7.00	5.80
15	7.00	7.80	6.00	12.40	10.80	10.80	10.40	8.80	7.60
16	8.60	10.60	7.60	14.00	14.20	12.20	12.80	11.60	10.00
17	10.20	12.40	10.20	16.40	14.80	16.80	16.40	13.20	12.80
18	14.20	13.80	13.40	20.20	16.60	18.80	19.20	16.00	15.40
19	17.60	16.00	14.00	25.00	19.00	21.60	22.20	18.60	20.20
20	19.40	16.20	14.40	26.00	22.40	23.80	24.80	22.60	23.60

4.1.4 Limite de seleção

Nas figuras 10 e 11 são apresentados os valores referentes aos limites de seleção, em populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, considerando duas intensidades de seleção (IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 9 e 10.

Analisando a população submetida a maior intensidade de seleção (IS1), verifica-se, pela figura 10, que houve acentuada redução no limite de seleção apenas para a taxa de maior ocorrência de mutações (M_1), com decréscimos desiguais nos diferentes tipos de acasalamentos. À medida que o número de gerações aumentou, também aumentaram as diferenças entre os grupos que controlavam a endogamia (EIC e EICMI) e aquele grupo menos eficiente no seu controle (RAA). Para as taxas M_2 e M_3 , observa-se que praticamente não houve redução no limite de seleção em todos os sistemas de acasalamento considerados, ao longo das gerações.

Na população submetida a menor intensidade de seleção (IS2), (Figura 11), a taxa de mutação que mais fixou alelos desfavoráveis (M_2) foi a que apresentou redução mais acentuada no limite de seleção. No entanto, verificou-se que as taxas M_1 e M_3 apresentaram pequena redução no limite de seleção.

O sistema de acasalamento que apresentou a maior redução do limite de seleção foi o menos efetivo no controle da endogamia (RAA), seguido do sistema EIC e EICMI, respectivamente.

Os tipos de acasalamento também apresentaram comportamento semelhante ao observado na população IS1 quanto ao decréscimo nos valores do limite, porém, com menor intensidade. Os sistemas de acasalamento que excluem o acasalamento de irmãos, com maior controle efetivo da endogamia, proporcionaram reduções menores no limite de seleção em todas as taxas de mutação consideradas neste estudo.

Ao analisar as Figuras 10 e 11, verifica-se que a redução no limite de seleção foi mais acentuada com o aumento na taxa de mutações (1:10.000) em populações submetidas a maior intensidade de seleção, mostrando a importância da intensidade de

seleção e da taxa de mutação em populações selecionadas a longo prazo na redução do limite de seleção.

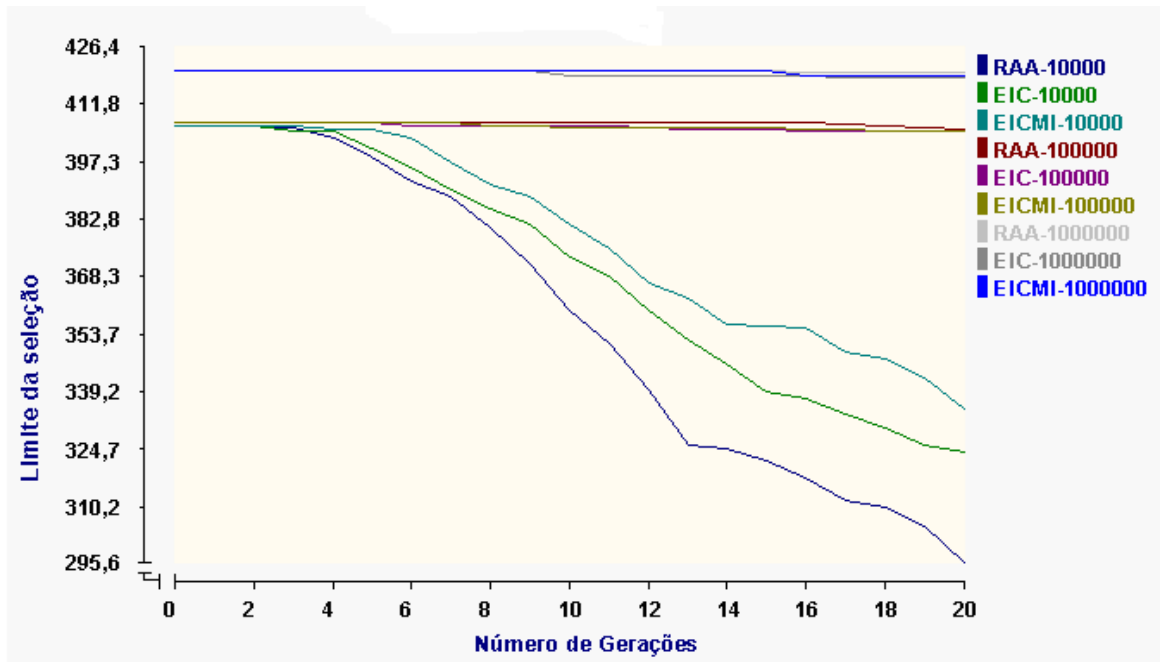


Figura 10. Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

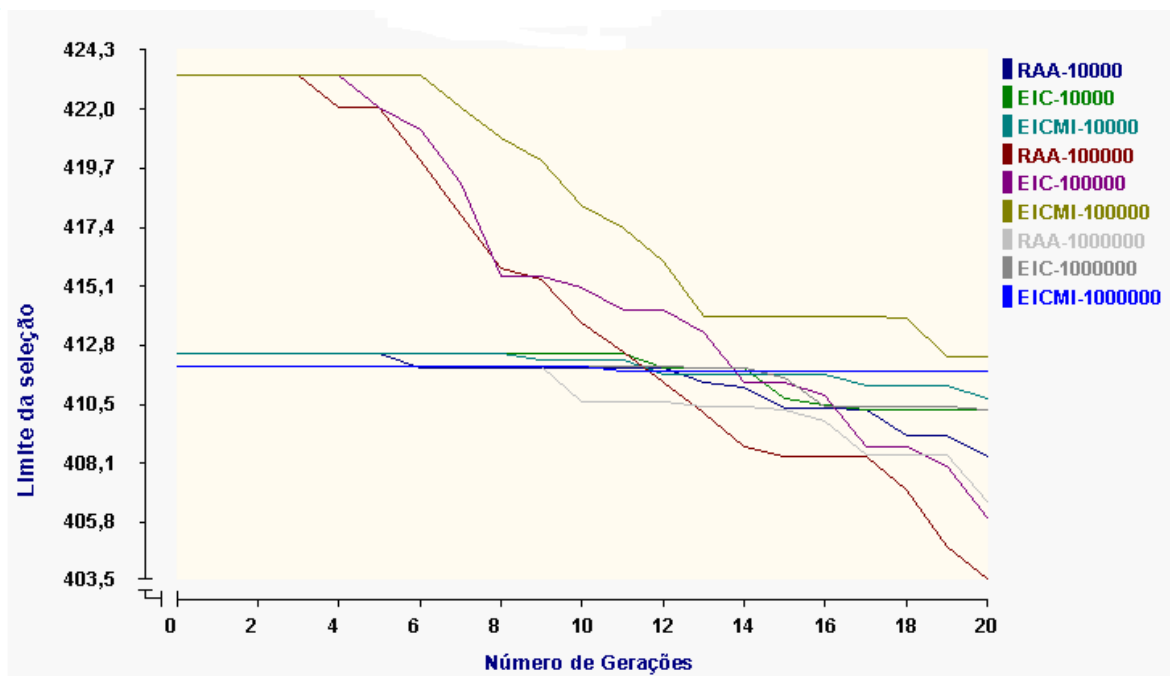


Figura 11. Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

Tabela 9. Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	406.22	406.22	406.22	407.25	407.25	407.25	420.20	420.20	420.20
1	406.22	406.22	406.22	407.25	407.25	407.25	420.20	420.20	420.20
2	406.22	406.22	406.22	407.25	407.25	407.25	420.20	420.20	420.20
3	405.38	404.52	406.22	407.25	407.25	407.25	420.20	420.20	420.20
4	402.92	404.31	405.21	407.25	407.25	407.25	420.20	420.20	420.20
5	398.16	400.29	405.21	407.25	407.25	407.25	420.20	420.20	420.20
6	391.99	395.53	402.89	407.25	405.83	407.25	420.20	420.20	420.20
7	387.93	389.91	396.85	407.25	405.83	407.25	420.20	420.20	420.20
8	380.60	384.91	391.18	407.25	405.83	405.83	420.20	420.13	420.20
9	370.93	380.72	387.80	407.25	405.83	405.83	420.20	420.13	420.20
10	359.28	372.96	380.84	407.25	405.83	405.75	420.20	418.55	420.20
11	350.85	367.72	375.00	407.25	405.83	405.75	420.20	418.55	420.20
12	339.27	359.26	366.35	407.25	405.45	405.75	420.13	418.55	420.20
13	325.18	351.80	362.56	407.25	405.14	405.75	420.05	418.48	420.20
14	324.19	345.55	355.81	406.99	405.14	405.60	420.05	418.48	420.20
15	321.02	338.44	355.21	406.90	405.05	405.60	420.05	418.41	420.20
16	316.93	337.10	354.66	406.90	404.74	405.13	419.77	418.41	418.82
17	310.92	333.34	348.95	406.63	404.74	404.88	419.77	418.34	418.72
18	309.72	329.64	347.43	405.86	404.74	404.57	419.77	418.34	418.72
19	304.44	324.96	342.14	405.68	404.34	404.57	419.77	418.34	418.72
20	295.70	323.44	334.37	405.10	404.34	404.57	419.77	418.20	418.60

Tabela 10. Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2=0,60$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	412.42	412.42	412.42	423.37	423.37	423.37	411.95	411.95	411.95
1	412.42	412.42	412.42	423.37	423.37	423.37	411.95	411.95	411.95
2	412.42	412.42	412.42	423.37	423.37	423.37	411.95	411.95	411.95
3	412.42	412.42	412.42	423.37	423.37	423.37	411.95	411.95	411.95
4	412.42	412.42	412.42	422.11	423.37	423.37	411.95	411.95	411.95
5	412.42	412.42	412.42	422.11	422.11	423.37	411.95	411.95	411.95
6	411.87	412.42	412.42	419.97	421.23	423.37	411.95	411.95	411.95
7	411.87	412.42	412.42	417.84	419.10	422.11	411.95	411.95	411.95
8	411.87	412.42	412.42	415.75	415.42	420.85	411.95	411.95	411.95
9	411.87	412.42	412.16	415.27	415.42	419.97	411.92	411.92	411.95
10	411.87	412.42	412.16	413.57	414.93	418.22	410.48	411.92	411.92
11	411.87	412.42	412.16	412.48	414.06	417.35	410.48	411.92	411.72
12	411.87	411.87	411.59	411.30	414.06	415.99	410.48	411.92	411.72
13	411.32	411.87	411.59	410.06	413.18	413.85	410.37	411.88	411.72
14	411.06	411.87	411.59	408.70	411.26	413.85	410.37	411.81	411.72
15	410.23	410.65	411.59	408.30	411.26	413.85	410.17	411.45	411.72
16	410.23	410.38	411.59	408.30	410.75	413.85	409.80	410.36	411.72
17	410.18	410.14	411.16	408.30	408.74	413.85	408.38	410.36	411.72
18	409.22	410.14	411.15	407.04	408.74	413.74	408.38	410.36	411.72
19	409.18	410.14	411.15	404.79	408.01	412.22	408.38	410.36	411.72
20	408.36	410.14	410.65	403.58	405.93	412.22	406.58	410.15	411.72

4.2 Característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$)

4.2.1 Valor Fenotípico

Nas figuras 12 e 13 são apresentados os valores fenotípicos, por geração, de populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, para duas intensidades de seleção (IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 11 e 12.

Foram observados, nas populações IS1 (maior intensidade de seleção) e IS2 (menor intensidade de seleção), aumento nos valores fenotípicos, ao longo das gerações, porém em menor magnitude, quando comparados com os valores fenotípicos observados na característica de alta herdabilidade (Figuras 2 e 3). Esperar-se-ia este comportamento uma vez que menor variabilidade genética aditiva resulta em menor resposta a seleção.

Um fato a ser considerado neste estudo é que a seleção individual foi praticada considerando-se uma característica de baixa herdabilidade, para a qual este método não teria tanta eficácia em prever o valor genético do indivíduo como para característica de alta herdabilidade. Segundo Lush (1945), citado por Euclides (1996), quando a característica considerada na seleção possui herdabilidade moderada ou baixa, preditores que incorporem informações de parentes, como o índice de seleção e o BLUP, podem aumentar significativamente a resposta à seleção.

Na Figura 12, para as populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), observa-se comportamento semelhante ao apresentado pela população IS1, para característica de alta herdabilidade, quanto a taxa de maior ocorrência de mutações (Figura 2). Os indivíduos tiveram um maior acréscimo nos valores fenotípicos na taxa M_1 em relação às demais taxas (M_2 e M_3), ao longo das gerações estudadas, no entanto, os valores fenotípicos observados para as taxas de mutação M_1 e M_2 pouco diferiram entre si.

A superioridade dos valores fenotípicos apresentados pela população submetida a maior taxa de mutação (1:10.000) pode ser explicada possivelmente pelo aumento da

ocorrência de mutações por geração (M_1), resultando em maior variabilidade genética, e conseqüentemente, em maiores ganhos, a curto e médio prazos. Neste sentido, deve-se levar em consideração o efeito das mutações e a introdução de novos genótipos que aumentam a variabilidade genética entre populações a partir de novas formas alélicas (FALCONER, 1987).

Ao avaliar o aumento nos valores fenotípicos sob os diferentes tipos de acasalamento (Figura 12), observou-se uma pequena vantagem para aqueles que tiveram maior controle da endogamia (EIC e EICMI), em especial para os que excluíram os acasalamentos entre irmãos completos (EIC), para todas as taxas de mutação consideradas neste estudo, ao longo das gerações.

Observa-se na Figura 13, para as populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), aumentos constantes nos valores fenotípicos, ao longo das gerações, para todas as taxas de mutação e sistemas de acasalamento, porém em menor magnitude e sem distinção entre as taxas de mutação. Este comportamento foi semelhante ao apresentado pelas populações de mesma intensidade de seleção, porém, em característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$), (Figura 3).

Quanto aos tipos de acasalamento, verifica-se que os sistemas que faziam a exclusão de irmãos completos (EIC) proporcionaram valores fenotípicos ligeiramente superiores para todas as taxas de mutação, em relação aos sistemas RAA e EICMI.

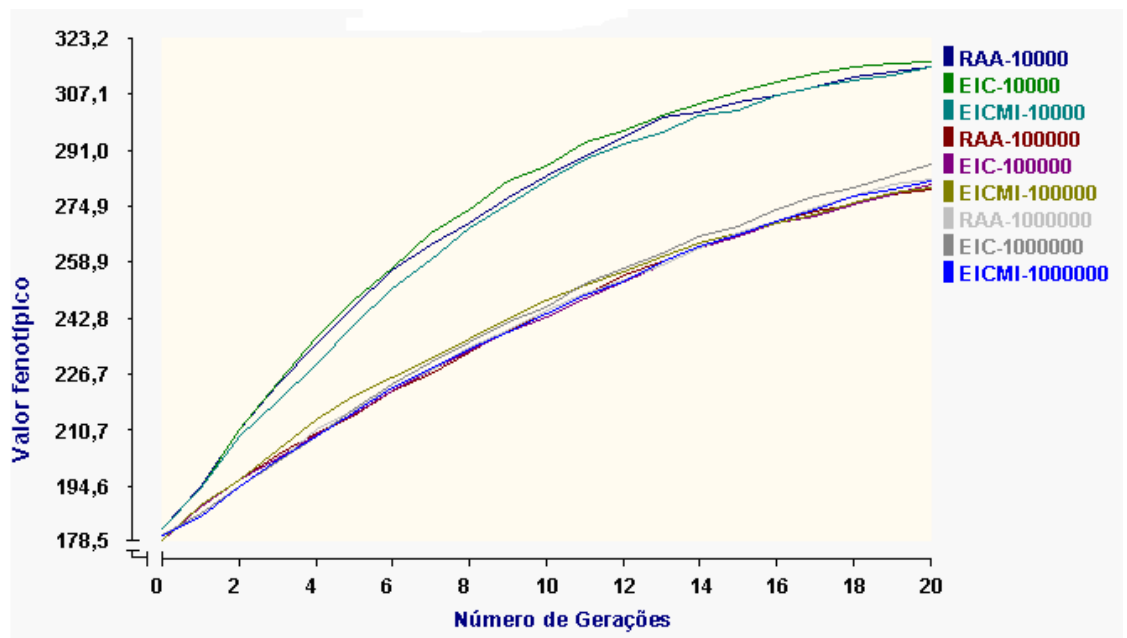


Figura 12. Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

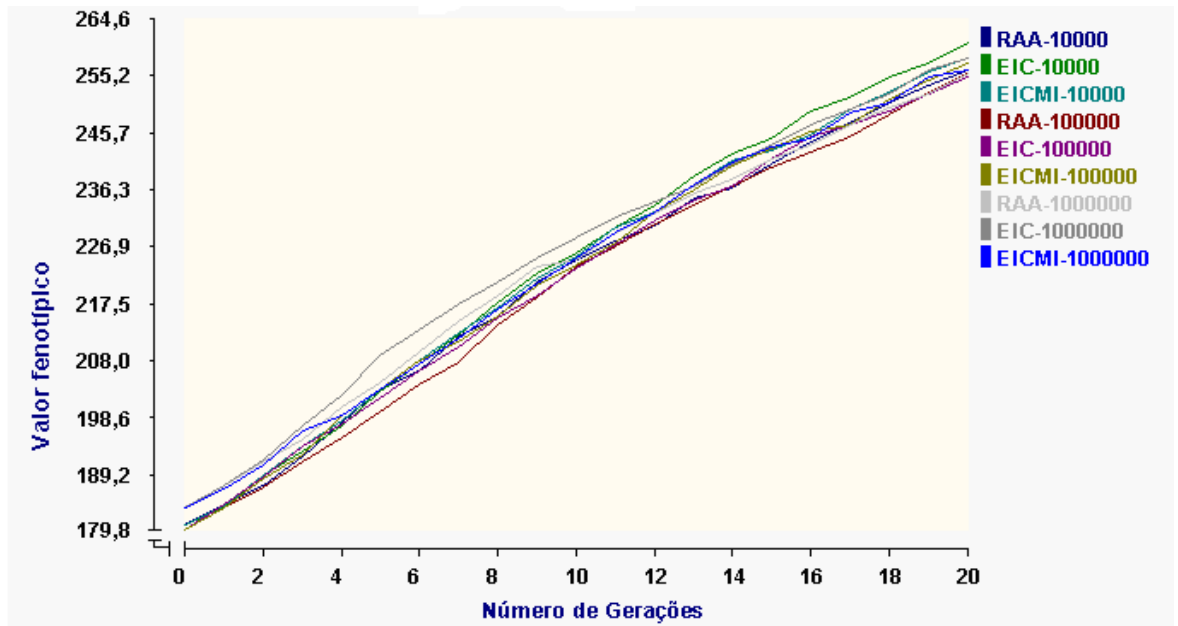


Figura 13. Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

Tabela 11. Valores fenotípicos de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	181.60	181.60	181.60	178.56	178.56	178.56	179.87	179.87	179.87
1	193.64	193.27	193.27	187.92	187.85	188.10	185.20	185.97	184.95
2	210.25	210.03	208.10	195.65	195.55	195.61	194.13	193.94	193.66
3	223.23	223.71	218.17	202.66	202.13	204.49	201.21	200.96	201.50
4	234.86	236.86	229.17	209.34	209.13	213.39	209.97	208.44	208.21
5	245.54	247.52	240.07	213.99	214.57	219.86	215.74	216.31	214.90
6	256.12	256.83	250.88	221.06	221.09	224.91	222.38	223.59	222.19
7	263.41	266.67	259.15	226.10	227.30	230.34	227.42	229.41	228.07
8	269.52	273.62	268.59	232.31	232.59	236.20	233.79	235.40	233.11
9	276.88	281.70	274.99	238.70	238.22	242.20	238.75	241.01	238.64
10	283.56	286.37	281.81	243.55	242.98	247.05	244.49	245.48	243.31
11	288.95	292.92	288.09	249.14	247.88	251.66	249.47	252.38	248.70
12	294.44	296.44	292.34	254.75	252.69	255.68	253.61	256.82	253.07
13	299.85	300.79	295.91	258.39	257.89	260.30	258.03	261.45	258.26
14	301.85	303.79	300.59	262.95	262.25	264.24	262.24	265.41	262.66
15	304.86	307.51	302.41	266.44	265.64	266.61	266.55	268.99	266.31
16	306.24	310.07	306.46	270.35	269.33	269.41	270.30	273.43	270.11
17	308.82	312.65	309.13	273.00	271.88	272.36	274.17	277.24	273.52
18	311.76	314.85	310.93	274.88	274.99	275.79	277.55	280.11	277.34
19	313.60	315.49	312.36	277.82	278.00	278.46	280.40	283.61	279.64
20	314.84	316.33	314.39	279.51	280.46	280.17	282.58	286.59	281.96

Tabela 12. Valores fenotípicos de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	180.54	180.54	180.54	179.81	179.81	179.81	183.28	183.28	183.28
1	183.91	183.36	183.56	183.21	183.91	183.33	186.99	187.23	186.65
2	187.20	188.64	188.80	186.69	188.35	188.01	190.96	191.30	190.45
3	191.73	192.60	193.62	190.94	193.72	192.16	194.67	196.96	196.04
4	197.54	196.99	197.88	194.88	197.17	198.46	200.17	202.31	198.51
5	202.74	202.51	202.75	199.28	201.37	202.77	204.27	208.78	202.78
6	206.11	207.22	207.59	203.64	205.93	207.58	209.03	212.89	207.02
7	211.65	212.04	212.40	207.35	210.10	211.13	214.34	217.27	211.20
8	215.21	217.53	216.56	213.42	214.78	215.34	218.38	220.63	216.28
9	220.79	222.13	221.34	218.08	218.51	220.01	223.49	224.65	220.39
10	224.34	225.79	225.04	223.43	222.89	223.55	224.41	228.34	224.68
11	227.66	229.99	229.86	226.52	226.85	227.32	229.03	231.38	229.06
12	230.22	233.64	232.51	230.71	230.90	232.50	232.34	234.01	232.43
13	234.73	238.35	237.12	233.64	234.41	236.05	235.30	236.77	237.05
14	236.50	242.13	241.16	236.78	236.62	240.08	237.80	240.28	240.57
15	240.30	244.61	242.75	239.82	241.27	243.04	241.19	243.71	243.16
16	244.09	248.99	245.32	242.29	244.79	246.01	243.71	246.85	244.66
17	247.36	251.51	249.38	244.84	246.75	246.82	246.95	249.39	248.83
18	250.61	254.66	252.34	248.53	249.16	251.11	249.81	252.13	250.42
19	253.34	257.02	255.59	252.56	252.14	254.21	252.05	255.93	254.72
20	255.87	260.61	258.04	255.27	254.77	256.96	255.49	257.89	255.86

4.2.2 Endogamia média

Nas Figuras 14 e 15 são apresentados os coeficientes médios de endogamia, por geração, de populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, considerando duas intensidades de seleção (IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 13 e 14.

Observou-se aumentos constantes nos valores de endogamia média, no decorrer das 20 gerações de seleção, para todos os tipos de acasalamento, taxas de mutação e intensidades de seleção (Figura 14).

Para as populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), Figura 14, os coeficientes de endogamia foram maiores na taxa (M_1), em relação às demais taxas de mutação (M_2 e M_3), que também apresentaram aumento nos coeficientes de endogamia ao longo das gerações estudadas.

A população IS1 apresentou menores coeficientes de endogamia para os sistemas que excluíram os acasalamentos entre irmãos (EIC e EICMI), para todas as taxas de mutação consideradas neste estudo. Segundo Caballero et al. (1996), evitar acasalamentos endogâmicos tem efeito permanente e cumulativo na redução da endogamia em populações submetidas à seleção individual.

Conforme Figura 15, os coeficientes de endogamia apresentados pelas populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2) foram inferiores aos apresentados pelas populações submetidas a maior intensidade de seleção (Figura 14), para todas as taxas de mutação e sistemas de acasalamento. Entretanto, não houve nítida distinção entre a taxa M_1 e as taxas M_2 e M_3 , em relação aos coeficientes de endogamia.

Ao se avaliar o aumento no coeficiente de endogamia para os diferentes sistemas de acasalamento nas populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), verifica-se que quando os reprodutores selecionados foram acasalados ao acaso (RAA), coeficientes maiores de endogamia foram observados para todas as taxas de mutação consideradas neste estudo (Figura 15).

Ao se comparar as populações IS1 e IS2 (Figuras 14 e 15), verifica-se que nas populações submetidas a maior intensidade de seleção, maiores são os efeitos da taxa de maior ocorrência de mutações.

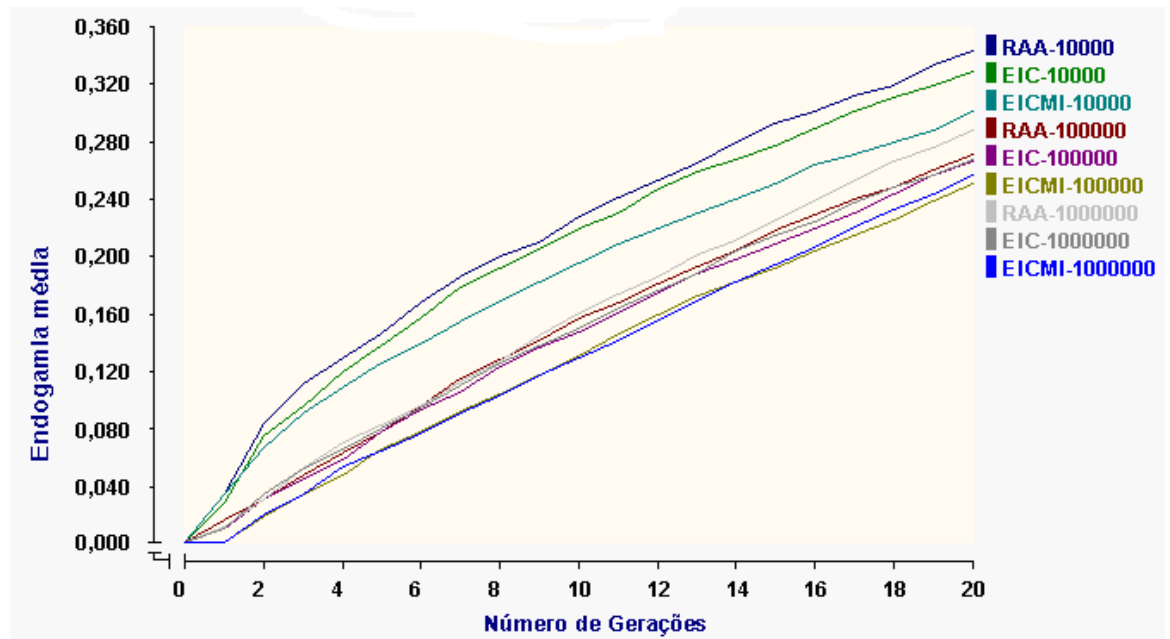


Figura 14. Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

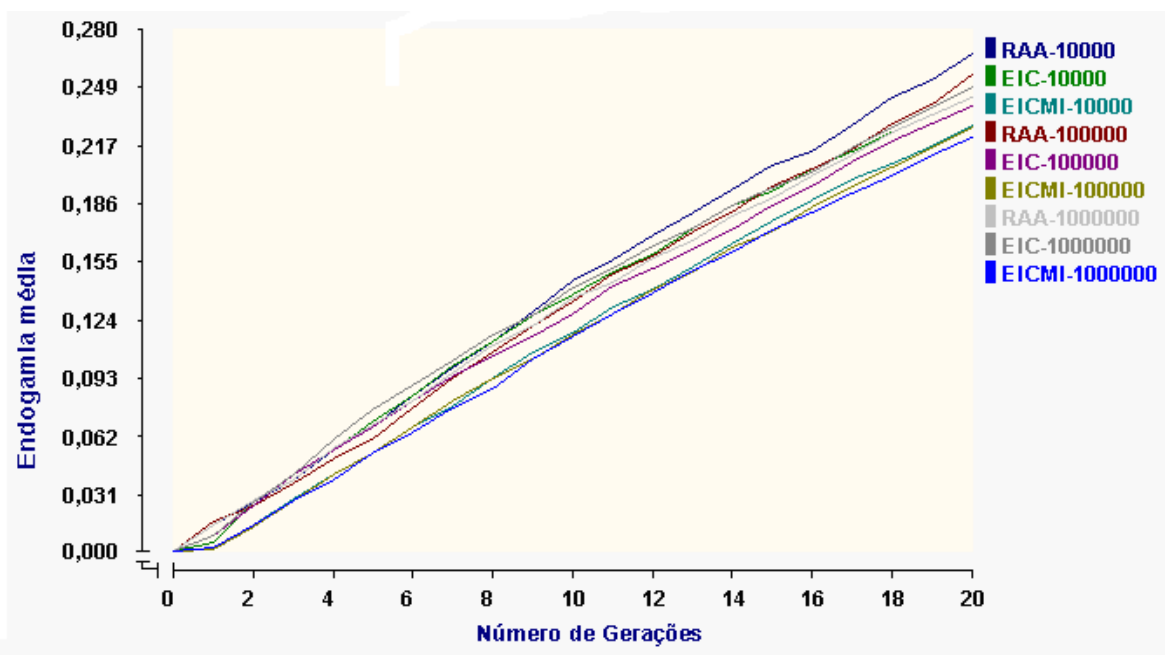


Figura 15. Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

Tabela 13. Endogamia média de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1	3.20	2.68	3.20	1.40	0.90	0.00	1.00	0,92	0.00
2	8.28	7.40	6.62	3.04	3.00	1.68	3.00	3.20	1.82
3	11.02	9.46	8.94	4.58	4.30	3.26	5.08	5.10	3.26
4	12.84	11.80	10.74	6.24	5.82	4.68	6.88	6.38	5.18
5	14.52	13.62	12.38	7.72	7.68	6.40	8.10	7.78	6.26
6	16.72	15.66	13.76	9.52	9.16	7.68	9.54	9.40	7.52
7	18.46	17.86	15.30	11.48	10.48	9.02	11.20	10.86	8.90
8	19.86	19.00	16.86	12.68	12.22	10.30	12.60	12.46	10.20
9	20.92	20.40	18.06	14.10	13.50	11.58	14.32	13.66	11.62
10	22.68	21.90	19.54	15.62	14.68	13.00	15.98	14.90	12.86
11	24.00	22.98	20.72	16.78	16.00	14.50	17.32	16.28	14.02
12	25.26	24.64	21.86	18.00	17.36	15.86	18.48	17.50	15.40
13	26.38	25.86	22.92	19.16	18.86	17.08	20.06	18.78	16.80
14	27.96	26.68	23.98	20.34	19.72	18.14	20.96	20.30	18.06
15	29.18	27.62	25.04	21.76	20.76	19.04	22.50	21.48	19.32
16	30.04	28.94	26.22	22.84	21.90	20.30	23.78	22.42	20.58
17	31.08	30.04	27.10	23.98	23.02	21.40	25.30	23.70	21.94
18	31.86	30.94	27.94	24.78	24.28	22.58	26.50	24.82	23.18
19	33.36	31.78	28.78	26.02	25.56	23.84	27.50	25.60	24.36
20	34.34	32.82	29.98	27.06	26.50	25.02	28.72	26.72	25.52

Tabela 14. Endogamia média de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
1	1.40	0.42	0.20	1.60	0.82	0.10	1.40	0.76	0.20
2	2.54	2.50	1.34	2.40	2.38	1.26	2.68	2.58	1.36
3	3.84	4.04	2.76	3.62	4.08	2.62	3.86	4.02	2.62
4	5.38	5.28	4.08	4.92	5.28	4.00	5.46	5.98	3.78
5	6.68	6.86	5.24	5.96	6.64	5.20	6.70	7.50	5.18
6	8.28	8.26	6.66	7.62	7.98	6.58	8.08	8.84	6.34
7	9.74	9.82	7.74	9.20	9.30	8.08	9.52	10.22	7.58
8	11.12	11.12	9.26	10.66	10.40	9.20	11.00	11.60	8.68
9	12.78	12.54	10.56	12.02	11.52	10.26	12.06	12.52	10.28
10	14.48	13.70	11.72	13.28	12.64	11.56	13.50	14.08	11.52
11	15.54	14.92	13.14	14.80	14.22	12.66	14.42	15.10	12.68
12	16.86	15.90	13.98	15.78	15.16	13.94	15.64	16.32	13.84
13	18.14	17.26	15.24	17.10	16.10	14.92	16.66	17.28	14.98
14	19.34	18.46	16.42	18.16	17.18	16.22	17.98	18.46	15.98
15	20.64	19.26	17.66	19.54	18.48	17.10	18.90	19.42	17.18
16	21.44	20.38	18.82	20.42	19.52	18.34	20.08	20.28	18.12
17	22.74	21.40	19.86	21.48	20.80	19.58	21.22	21.60	19.08
18	24.26	22.46	20.78	22.90	21.98	20.50	22.44	22.68	20.08
19	25.32	23.34	21.68	23.96	22.90	21.56	23.34	23.80	21.22
20	26.68	24.30	22.82	25.44	23.84	22.72	24.30	24.84	22.18

4.2.3 Fixação de alelos desfavoráveis e favoráveis

Nas figuras 16, 17, 18 e 19 são apresentados os percentuais de alelos desfavoráveis e favoráveis fixados, por geração, em populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, considerando duas intensidades de seleção ((IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 15, 16, 17 e 18.

Nas figuras 16 e 17, referente à população IS1 (maior intensidade de seleção), observa-se que houve aumento no percentual de alelos fixados, tanto no sentido favorável quanto no sentido desfavorável. Segundo Falconer (1987), os processos seletivos conduzem à fixação de alelos favoráveis, assim como, em menor escala, os alelos desfavoráveis, promovendo consequentemente uma perda na variabilidade genética.

Neste sentido, entre as taxas de mutação, a M_1 foi a que apresentou maior percentual de fixação de alelos desfavoráveis e menores de alelos favoráveis. Possivelmente este resultado parece estar relacionado ao efeito do maior número de mutações desfavoráveis ocorridas a cada geração para a taxa M_1 , (Figura 16).

O sistema de acasalamento que levou a maior percentual de fixação de alelos desfavoráveis foi o sistema de acasalamento ao acaso (RAA), seguido dos sistemas que excluíram o acasalamento entre irmãos (EICMI, EIC), respectivamente. Verifica-se menor diferença nos percentuais de fixação de alelos entre os sistemas EIC e EICMI. As taxas M_2 e M_3 apresentaram comportamento inverso ao apresentado pela taxa M_1 , ou seja, apresentaram as menores taxas por fixação de alelos desfavoráveis e maiores taxas de fixação de alelos favoráveis (Figuras 16 e 17). Comportamento semelhante foi apresentado pela população IS1, para característica de alta herdabilidade.

Na população IS2 (Figuras 18 e 19), houve também aumento nas taxas de fixação de alelos nos dois sentidos, entretanto, a magnitude dos valores foi inferior àquela apresentada pela população IS1. É interessante observar a grande variação nas taxas de fixação de alelos desfavoráveis, para todos os tipos de acasalamentos e taxas de mutação e, ao contrário, menor variação nas taxas de fixação de alelos favoráveis.

Para esta característica de baixa herdabilidade, população sob menor intensidade de seleção (IS2), o percentual de alelos favoráveis e desfavoráveis fixados (Figuras 18 e 19) foi inferior ao percentual apresentado para a característica de alta herdabilidade, em população IS2 (Figuras 8 e 9).

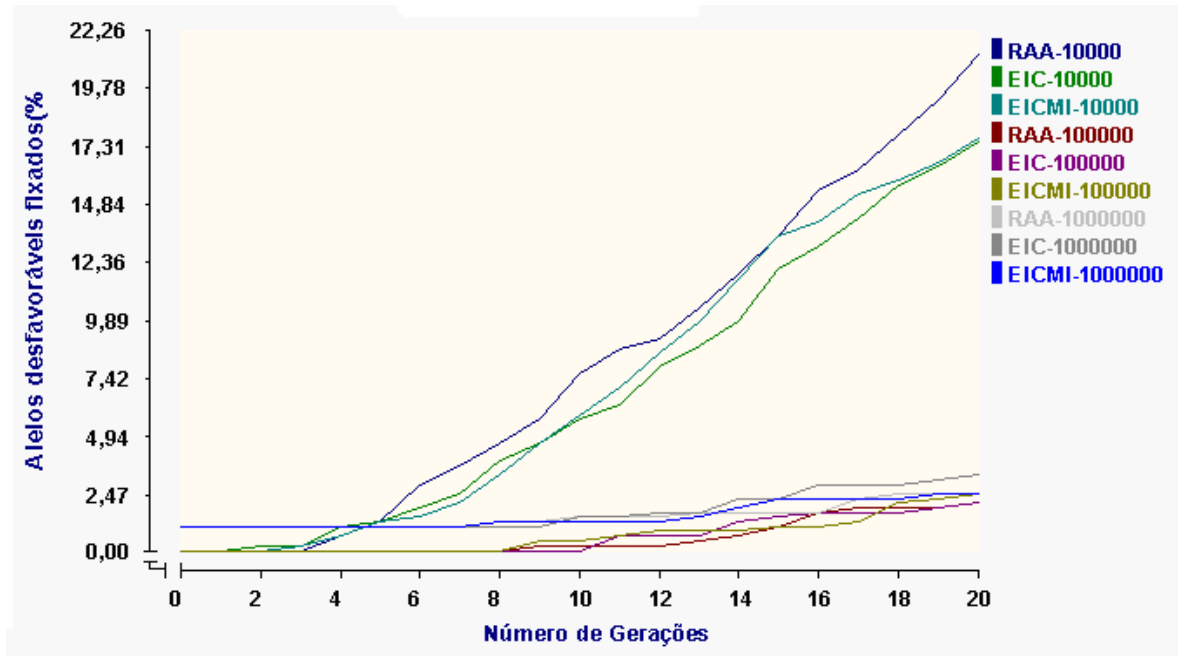


Figura 16. Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

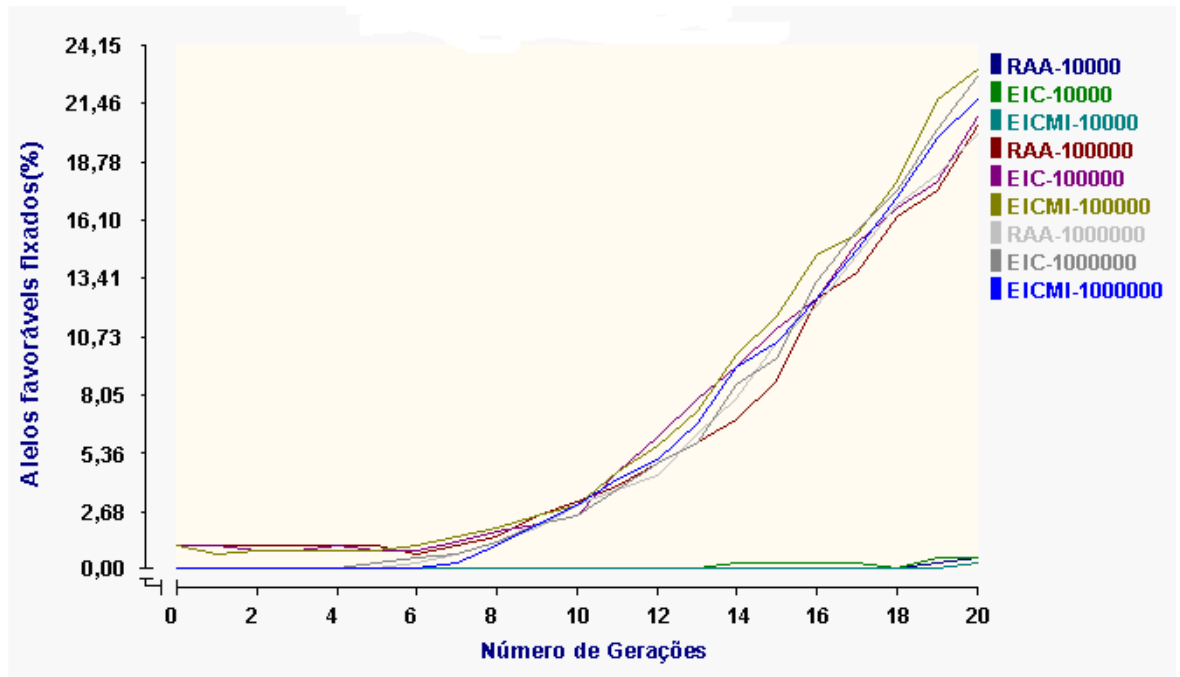


Figura 17. Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

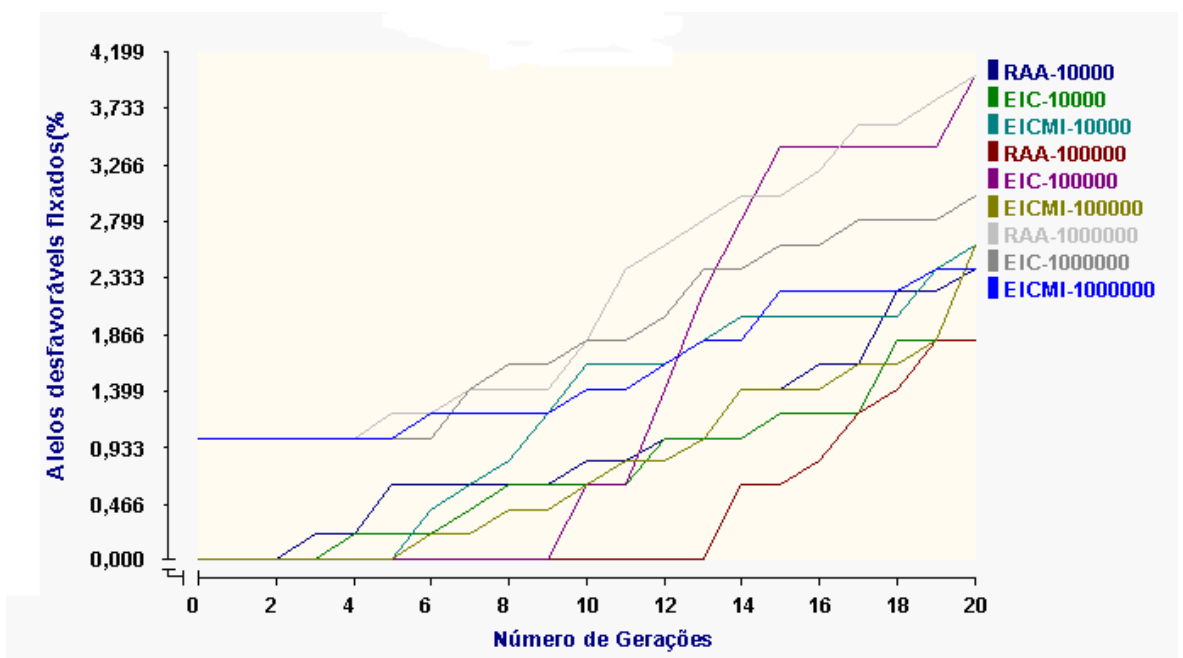


Figura 18. Valores, em percentagem, de alelos desfavoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

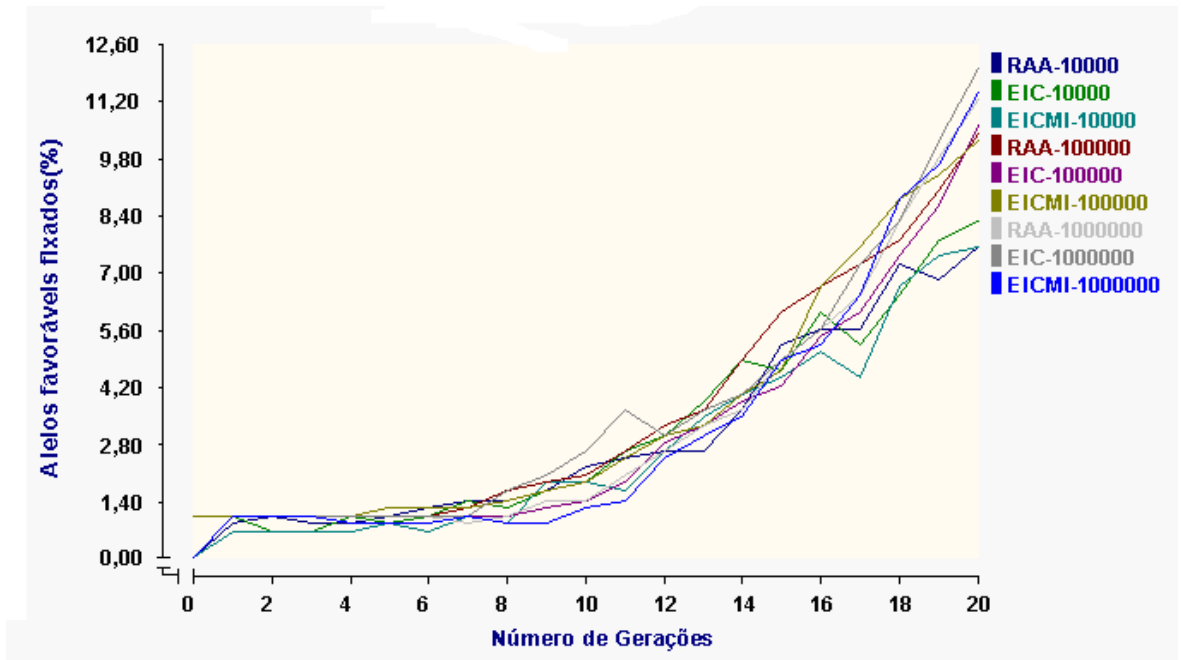


Figura 19. Valores, em percentagem, de alelos favoráveis fixados, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

Tabela 15. Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
1	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
2	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
3	0.000	0.200	0.200	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
4	0.600	1.000	0.600	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
5	1.200	1.200	1.200	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
6	2.800	1.800	1.400	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
7	3.600	2.400	2.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
8	4.600	3.800	3.200	0.000	0.000	0.000	1.200	1.000	1.200
9	5.600	4.600	4.600	0.200	0.000	0.400	1.200	1.000	1.200
10	7.600	5.600	5.800	0.200	0.000	0.400	1.400	1.400	1.200
11	8.600	6.200	7.000	0.200	0.600	0.600	1.400	1.400	1.200
12	9.000	7.800	8.400	0.200	0.600	0.800	1.400	1.600	1.200
13	10.400	8.800	9.800	0.400	0.600	0.800	1.600	1.600	1.400
14	11.800	9.800	11.600	0.600	1.200	0.800	1.600	2.200	1.800
15	13.400	12.000	13.400	1.000	1.400	1.000	1.600	2.200	2.200
16	15.400	13.000	14.000	1.600	1.600	1.000	1.600	2.800	2.200
17	16.200	14.200	15.200	1.800	1.600	1.200	2.200	2.800	2.200
18	17.800	15.600	15.800	1.800	1.600	2.000	2.400	2.800	2.200
19	19.200	16.400	16.600	1.800	1.800	2.200	2.400	3.000	2.400
20	21.200	17.400	17.600	2.000	2.000	2.400	2.400	3.200	2.400

Tabela 16. Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00
1	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	0.60	0.00	0.00	0.00
2	0.00	0.00	0.00	1.00	0.80	0.80	0.00	0.00	0.00
3	0.00	0.00	0.00	1.00	0.80	0.80	0.00	0.00	0.00
4	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	0.80	0.00	0.00	0.00
5	0.00	0.00	0.00	1.00	0.80	0.80	0.00	0.20	0.00
6	0.00	0.00	0.00	0.60	0.80	1.00	0.20	0.40	0.00
7	0.00	0.00	0.00	1.00	1.20	1.40	0.60	0.60	0.20
8	0.00	0.00	0.00	1.40	1.60	1.80	1.20	1.20	1.00
9	0.00	0.00	0.00	2.40	2.00	2.40	1.80	2.00	2.00
10	0.00	0.00	0.00	3.00	2.40	2.80	2.80	2.40	2.80
11	0.00	0.00	0.00	3.80	4.40	4.40	3.60	3.60	4.00
12	0.00	0.00	0.00	4.80	6.00	5.60	4.20	4.80	5.00
13	0.00	0.00	0.00	5.80	7.80	7.20	6.20	5.80	6.60
14	0.00	0.20	0.00	6.80	9.20	9.80	7.80	8.40	9.20
15	0.00	0.20	0.00	8.60	11.00	11.60	10.40	9.60	10.40
16	0.00	0.20	0.00	12.40	12.40	14.40	12.00	13.20	12.40
17	0.00	0.20	0.00	13.60	15.00	15.40	14.40	15.60	14.60
18	0.00	0.00	0.00	16.20	16.60	17.80	16.80	17.40	17.00
19	0.20	0.40	0.00	17.40	17.80	21.60	18.20	20.20	19.80
20	0.40	0.40	0.20	20.40	20.80	23.00	20.00	22.60	21.60

Tabela 17. Valores de alelos desfavoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
1	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
2	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
3	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
4	0.200	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
5	0.600	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	1.200	1.000	1.000
6	0.600	0.200	0.400	0.000	0.000	0.200	1.200	1.000	1.200
7	0.600	0.400	0.600	0.000	0.000	0.200	1.400	1.400	1.200
8	0.600	0.600	0.800	0.000	0.000	0.400	1.400	1.600	1.200
9	0.600	0.600	1.200	0.000	0.000	0.400	1.400	1.600	1.200
10	0.800	0.600	1.600	0.000	0.600	0.600	1.800	1.800	1.400
11	0.800	0.600	1.600	0.000	0.600	0.800	2.400	1.800	1.400
12	1.000	1.000	1.600	0.000	1.400	0.800	2.600	2.000	1.600
13	1.000	1.000	1.800	0.000	2.200	1.000	2.800	2.400	1.800
14	1.400	1.000	2.000	0.600	2.800	1.400	3.000	2.400	1.800
15	1.400	1.200	2.000	0.600	3.400	1.400	3.000	2.600	2.200
16	1.600	1.200	2.000	0.800	3.400	1.400	3.200	2.600	2.200
17	1.600	1.200	2.000	1.200	3.400	1.600	3.600	2.800	2.200
18	2.200	1.800	2.000	1.400	3.400	1.600	3.600	2.800	2.200
19	2.200	1.800	2.400	1.800	3.400	1.800	3.800	2.800	2.400
20	2.400	1.800	2.600	1.800	4.000	2.600	4.000	3.000	2.400

Tabela 18. Valores de alelos favoráveis fixados, em percentagem, de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00
1	0.80	1.00	0.60	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
2	1.00	0.60	0.60	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
3	0.80	0.60	0.60	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
4	0.80	1.00	0.60	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.80
5	1.00	0.80	0.80	1.00	1.00	1.20	1.00	1.00	0.80
6	1.20	1.00	0.60	1.00	1.00	1.20	1.00	1.00	0.80
7	1.40	1.40	1.00	1.20	1.00	1.20	0.80	1.00	1.00
8	1.40	1.20	0.80	1.60	1.00	1.40	1.00	1.60	0.80
9	1.60	1.60	1.80	1.80	1.20	1.60	1.40	2.00	0.80
10	2.20	1.80	1.80	2.00	1.40	1.80	1.40	2.60	1.20
11	2.40	2.60	1.60	2.60	1.80	2.40	2.00	3.60	1.40
12	2.60	3.00	2.60	3.20	2.80	3.00	2.60	3.00	2.40
13	2.60	3.80	3.40	3.60	3.20	3.20	3.20	3.60	3.00
14	3.60	4.80	4.00	4.80	3.80	4.00	3.60	4.00	3.40
15	5.20	4.60	4.40	6.00	4.20	4.60	4.80	4.80	4.80
16	5.60	6.00	5.00	6.60	5.40	6.60	5.60	5.60	5.20
17	5.60	5.20	4.40	7.20	6.00	7.60	6.40	7.20	6.40
18	7.20	5.40	6.60	7.80	7.40	8.80	8.20	8.20	8.80
19	6.80	7.80	7.40	9.00	8.60	9.40	9.80	10.20	9.60
20	7.60	8.20	7.60	10.40	10.60	10.20	11.20	12.00	11.40

4.2.4 Limite de seleção

Nas figuras 20 e 21 são apresentados os valores referentes aos limites de seleção, em populações selecionadas com base nos fenótipos dos indivíduos (SI), respectivamente, considerando duas intensidades de seleção ((IS1 = maior intensidade de seleção e IS2 = menor intensidade de seleção), três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Reprodutores Acasalados Aleatoriamente – RAA, Exclusão de Irmãos Completos – EIC e Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos – EICMI) e três taxas de mutação ($M_1 = 1:10.000$, $M_2 = 1:100.000$ e $M_3 = 1:1.000.000$). Os resultados também são apresentados em valores numéricos de acordo com as Tabelas 19 e 20.

Analisando separadamente a população IS1 (maior intensidade de seleção), verifica-se, pela figura 20, que houve acentuada redução no limite de seleção, com decréscimos desiguais nos diferentes tipos de acasalamento, apenas para a taxa de maior ocorrência de mutação (M_1).

Comportamento semelhante a esse, porém no sentido inverso, ou seja, de aumento, foi observado com relação à percentagem de alelos desfavoráveis fixados (Figura 16). À medida que o número de gerações aumentou, também aumentaram as diferenças entre os grupos que controlavam a endogamia (EIC e EICMI) e aquele grupo menos eficiente no seu controle (RAA). Assim, os valores do limite de seleção foram maiores nos tipos que excluíram acasalamentos entre irmãos.

No entanto, observou-se um decréscimo acentuado no valor do limite de seleção para o tipo de acasalamento onde os reprodutores são acasalados ao acaso (RAA), na taxa de maior ocorrência de mutações por geração (M_1). Para as taxas de mutação M_2 e M_3 , em todos os tipos de acasalamento, houve redução nos valores do limite, ao longo das gerações, porém em pequena magnitude. Comportamento semelhante foi apresentado pela população IS1, para característica de herdabilidade alta.

Observou-se, na população IS2 (menor intensidade de seleção), que houve redução no limite de seleção para todos os sistemas de acasalamento e taxas de mutação, considerados neste estudo (Figura 21).

Nesse sentido, os sistemas de acasalamento que levaram a maiores percentuais de fixação de alelos desfavoráveis (Figura 18) também conduziram a maiores reduções no limite de seleção (Figura 21).

Com relação aos sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI), a tendência verificada de redução acentuada no limite de seleção para as populações M_1 , submetidas a maior intensidade de seleção, não se mostrou de forma semelhante nas populações submetidas a menor intensidade de seleção, (Figura 21).

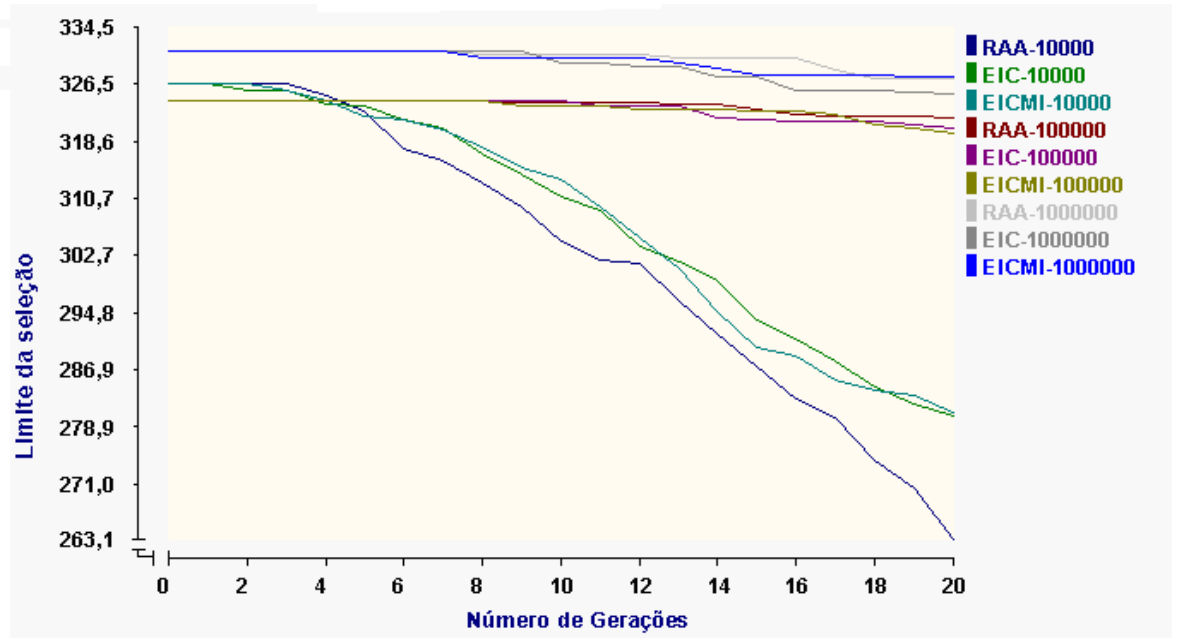


Figura 20. Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

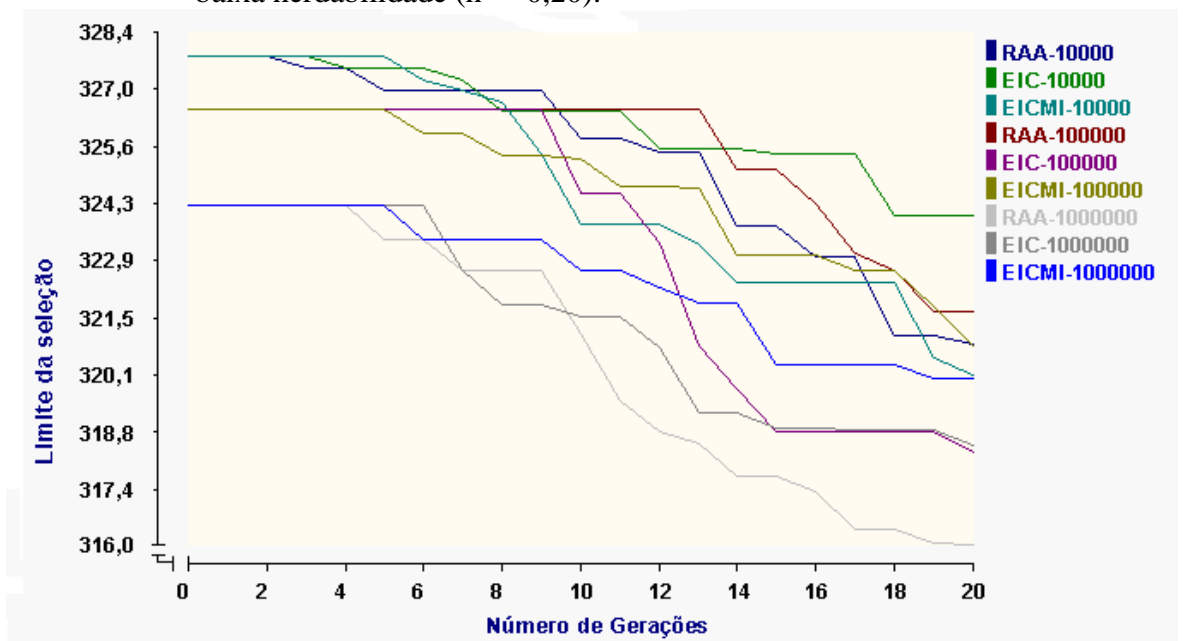


Figura 21. Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

Tabela 19. Valores do limite de seleção de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	326.33	326.33	326.33	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
1	326.33	326.33	326.33	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
2	326.33	325.67	326.33	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
3	326.33	325.67	325.67	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
4	324.70	323.69	324.35	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
5	322.72	323.38	321.92	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
6	317.25	321.58	321.58	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
7	315.71	320.52	320.24	324.32	324.32	324.32	331.13	331.13	331.13
8	312.65	316.73	317.55	324.32	324.32	324.32	330.56	331.13	329.91
9	309.43	313.77	314.89	323.99	324.32	323.52	330.56	331.13	329.91
10	304.45	310.79	313.21	323.99	324.32	323.52	330.48	329.48	329.91
11	302.09	308.81	309.48	323.99	323.37	323.30	330.48	329.48	329.91
12	301.42	303.99	304.88	323.99	323.37	322.79	330.48	328.91	329.91
13	296.09	301.63	300.52	323.79	323.37	322.79	329.91	328.91	329.34
14	291.50	299.09	294.97	323.62	321.89	322.79	329.91	327.62	328.69
15	287.28	293.54	289.74	322.95	321.38	322.62	329.91	327.62	327.83
16	282.41	291.07	288.49	322.19	321.16	322.62	329.91	325.60	327.83
17	279.97	287.70	285.15	322.06	321.16	322.28	328.28	325.60	327.83
18	273.84	284.19	283.91	322.06	321.16	320.69	327.19	325.60	327.83
19	270.07	281.98	282.92	322.06	320.74	320.27	327.19	325.31	327.55
20	263.12	280.22	280.57	321.84	320.52	319.57	327.19	325.02	327.56

Tabela 20. Valores do limite de seleção de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, durante 20 gerações de Seleção Individual, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,20$)

Gerações	Taxa 1:10.000			Taxa 1:100.000			Taxa 1:1.000.000		
	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI	RAA	EIC	EICMI
0	327.83	327.83	327.83	326.53	326.53	326.53	324.20	324.20	324.20
1	327.83	327.83	327.83	326.53	326.53	326.53	324.20	324.20	324.20
2	327.83	327.83	327.83	326.53	326.53	326.53	324.20	324.20	324.20
3	327.54	327.83	327.83	326.53	326.53	326.53	324.20	324.20	324.20
4	325.54	327.54	327.83	326.53	326.53	326.53	324.20	324.20	324.20
5	326.96	327.54	327.83	326.53	326.53	326.53	323.43	324.20	324.20
6	326.96	327.54	327.25	326.53	326.53	325.96	323.43	324.20	323.41
7	326.96	327.25	326.96	326.53	326.53	325.96	322.65	322.65	323.41
8	326.96	326.52	326.66	326.53	326.53	325.39	322.65	321.86	323.41
9	326.96	326.52	325.44	326.53	326.53	325.39	322.65	321.86	323.41
10	325.81	326.52	323.78	326.53	324.48	325.34	321.11	321.55	322.63
11	325.81	326.52	323.78	326.53	324.48	324.72	319.54	321.55	322.63
12	325.52	325.61	323.78	326.53	323.31	324.72	318.77	320.79	322.24
13	225.52	325.61	323.27	326.53	320.85	324.63	318.46	319.25	321.90
14	223.74	325.61	322.35	325.05	319.80	323.06	317.69	319.25	321.90
15	223.74	325.43	322.35	325.05	318.75	323.06	317.69	318.86	320.37
16	223.01	325.43	322.35	324.28	318.75	323.06	317.35	318.86	320.37
17	223.01	325.43	322.35	323.10	318.75	322.63	316.41	318.82	320.37
18	221.09	324.00	322.35	322.67	318.75	322.63	316.41	318.82	320.37
19	221.09	324.00	320.57	321.68	318.75	321.78	316.10	318.82	320.05
20	220.92	324.00	320.15	321.68	318.30	320.87	316.08	318.43	320.05

5. CONCLUSÕES

O aumento na taxa de mutação ($M_1 = 1:10.000$) resultou em maior variabilidade genética e conseqüentemente maiores ganhos, ao longo das gerações, mostrando que em programas de melhoramento a identificação de polimorfismos associados a QTL's de interesse pode ser considerada uma ferramenta muito interessante para criar variabilidade genética.

De maneira geral, quanto maior a intensidade de seleção, maiores os efeitos decorrentes do aumento na taxa de ocorrência de mutações, mostrando que a exploração destes fatores pode permitir aumento na resposta a seleção.

Os sistemas de acasalamento que excluem o acasalamento entre irmãos (EIC e EICMI) proporcionam menor incremento de endogamia, menores percentagens de fixação de alelos e menor redução no limite de seleção nas três taxas de mutação consideradas neste estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALENCAR, M.M.; SILVA, A.H.G. et al. Efeitos da consangüinidade sobre pesos ao nascimento e à desmama de bezerros da raça Canchim. **Rev. Bras. Zootec.**, v.10, n.1, p.156-172, 1981.

AMARAL, C.O. **Efeito da endogamia sobre a reprodução e crescimento de bovinos da raça Nelore**. Ribeirão Preto: USP – Faculdade de Medicina, 1986. 114p. Tese (Mestrado em Ciências) – Universidade de São Paulo, 1986.

ASSIS, G.M.L. **Efeito de genes na avaliação genética utilizando dados simulados**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 102p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2005.

BELONSKY, G.M.; KENNEDY, B.W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. **J. Anim. Sci.**, Champaign, v.66, p. 1124-1131, 1988.

BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Rev. Bras. Zootec.**, v.33, n.6, p. 2017-2025, 2004.

BURROW, H.M. The effects of inbreeding in beef cattle. **Anim. Breed. Abstr.**, v. 61(11), p. 737-751, 1993.

CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, v.73, p. 657-679, 1994.

CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M.A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. **Animal Science**, v.62, p. 431-442, 1996.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Oscilação genética em populações submetidas a métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Rev. Bras. Zootec.**, v.35, n.1, jan./fev., 2006.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Rev. Bras. Zootec.**, v.36, n.2, mar./abr., 2007.

CHARLIER, C.W.; COPPERTIERS, F.; FARNIR, L. et al. The mh gene causing double-muscling in cattle maps to bovine chromosome 2. **Mamm. Gen.**, v.6, p.788-792, 1995.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Efeitos de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Rev. Brás. Zootec.**, v.32, n.6, p.1297-1303, 2003.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Variabilidade genética e limite da seleção em populações de diferentes tipos de acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, n.2, p.242-250, 2004.

DRUMOND, A.M. **Efeito da endogamia sobre a idade ao primeiro parto e o intervalo entre partos em um rebanho Nelore do Estado de São Paulo.** Belo Horizonte: UFMG – Escola de Veterinária, 1988. 97p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Minas Gerais, 1988.

DUNNER, S.; CHARLIER, C.; FANIR, F. et al. Towards interbreed IBD fine mapping of the mh locus: double-muscling in the Asturiana de los Valles breed involves the same locus as in the Belgian Blue cattle breed. **Mamm. Gen.**, v.8, p.430-435, 1997.

EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de método de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 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: Universidade Federal de Viçosa, 1987, 279p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics.** 4.ed. London: Longman, 1996.

FAHRENKRUG, S.C.; SASAS, E.; KEELE, J.M. et al. Technical note: Direct genotyping of the rhw souvlw-muscling locus (mh) in Piedmontese and Belgian Blue cattle by fluorescent PCR. **J. Anim. Sci.**, v.77, p.2028-2030, 1999.

FERNÁNDEZ, J. Equilíbrio respuesta consanguinidad. **In:** XIII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, Espanha, 55p. 2003.

FUJII, J.; OTSU, K.; ZORZATO, F. et al. Identification of a mutation in porcine ryanodine receptor associated with malignant hyperthermia. **Science**, v.253, n.2, p. 448 – 451, 1991.

GROBET, L.; PONCELET, D.; ROYO, L.J. et al. Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. **Mamm. Gen.**, v.9, p.210-213, 1997.

GUIMARÃES, S.E.F. Análise de marcadores genômicos e detecção de QTLs e genes candidatos em Melhoramento Animal. **In:** Pereira, J.C.C. Melhoramento Genético aplicado a produção animal. Belo Horizonte: FEPMVZ, p.491-524. 2004.

HILL, W.G. Rates of change in quantitative traits from fixation of new mutation. **Proc. Nat. Acad. Sci.**, v. 79, p.142-145, 1982.

HILL, W.G. Advances in quantitative genetics theory. In: From Jay Lush to genomics: visions for the future of animal breeding and genetics. **Proceedings...** Iowa State University. p.35-46, 1999. Disponível em: <<http://www.agbiotechbio.com>>

JANGARELLI, M. **Avaliação de diferentes níveis de significância na identificação e caracterização de marcadores moleculares no melhoramento genômico.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2007. 46p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2007.

KARIM, L.; COPPIETERS, W.; GROBET, L. et al. Convenient genotyping of six myostatin mutations causing double-muscling in cattle using multiplex oligonucleotide ligation assay. **Anim. Gen.**, v.31, p.396-399, 2000.

LOPES, P.S.; GUIMARÃES, S.E.F.; CARNEIRO, P.L.S. Integração da genética quantitativa e da genética molecular nos programas de melhoramento genético de suínos. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 7, 2008, São Carlos, **Anais...** São Carlos: SBMA, 2008. Disponível em:<<http://www.sbmaonline.org.br>>.

LUSH, J.L. **Animal breeding plans.** Ames: Iowa State College, 1945. 443p.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; EUCLYDES, R.F. et al. Eficiência de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares na avaliação genética animal. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga, **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. Disponível em:<<http://www.sbmaonline.org.br>>.

McPHERRON, A.C.; LEE, S. Double muscling in cattle due to mutation in the myostatin gene. **Proc. Natl. Acad. Sci.**, v.94, p.12457-12461, 1997.

MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetic, Selection and Evolution**, v.24, p.305-313, 1992.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIANS, J.A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theor. Appl. Genet.**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MIGLIOR, F.; BURNSIDE, E.B. Inbreeding of Canadian Holstein cattle. **J. Dairy Sci.**, v.78, p.1163-1167, 1995.

MUIR, W.M. Candidate gene selection. In: SIMPÓSIO SOBRE TÓPICOS ESPECIAIS EM ZOOTECNIA, 1, 1997, Juiz de Fora, MG, **Simpósio...** Juiz de Fora, MG: SBZ, 1997, p. 79-91.

MUIR, W.M. The interaction of selection intensity, inbreeding depression and random genetic drift on short and long-term response to selection: Results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **Proceeding of the American society of Animal Science, 2000** (<http://www.google.com.br/search?hl=pt&ie=UTF8&oe=UTF8&q=blip+and+genetic+drift&lr>).

PEREIRA FILHO, J.P. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2005. 47p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2005.

PIPER, L.R.; BINDON, B.M.; DAVIS, G.H. The single gene inheritance of the high litter size of the Booroola Merino. In: LAND, R.B.; ROBINSON, D.W. **Genetics of reproduction in sheep**. Butterworths. 1985, 427p.

ROBERTSON, A. A theory of limits in artificial selection. **Proc. R. Soc. Lond. B.**, v.153, p.234-249, 1960.

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

SHIMBO, M.V.; FERRAZ, J.B.S.; ELER, J.P. et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3., 2000, Belo Horizonte. **Anais...** Belo Horizonte: Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2000. p. 388-390.

SOUZA, G.H. **Avaliação de biotecnologias reprodutivas em programas de melhoramento utilizando simulação de dados**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2008. 46p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

WANG, J. et al. Exact inbreeding coefficient and effective size of finite populations under partial sib mating. **Genetics**, v.140, p.357-363, 1999.

WILSON, T.; WU, X.Y.; JUENGEL, J.L. et al. Highly prolific Booroola sheep have a mutation in the intracellular Kinase domain of bone morphogenetic protein IB receptor (ALK-6) that is expressed in both oocytes and granulosa cells. **Biology of reproduction**, v. 64, n.4, p. 1225-35, 2001.

ANEXOS

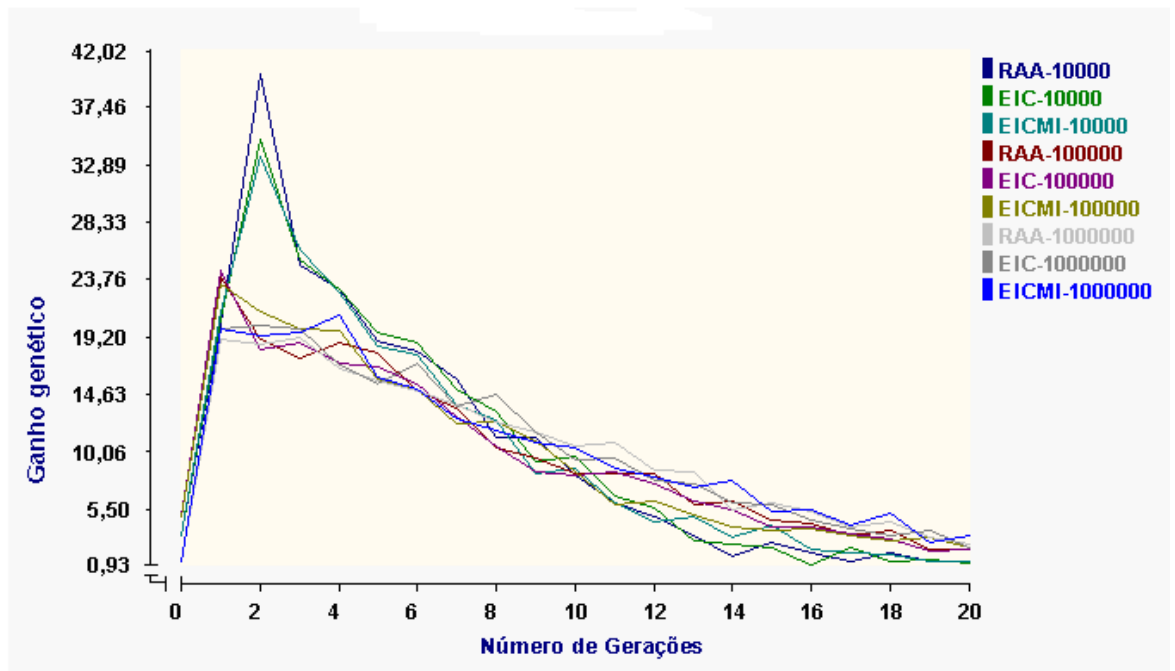


Figura 1a. Ganho genético de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

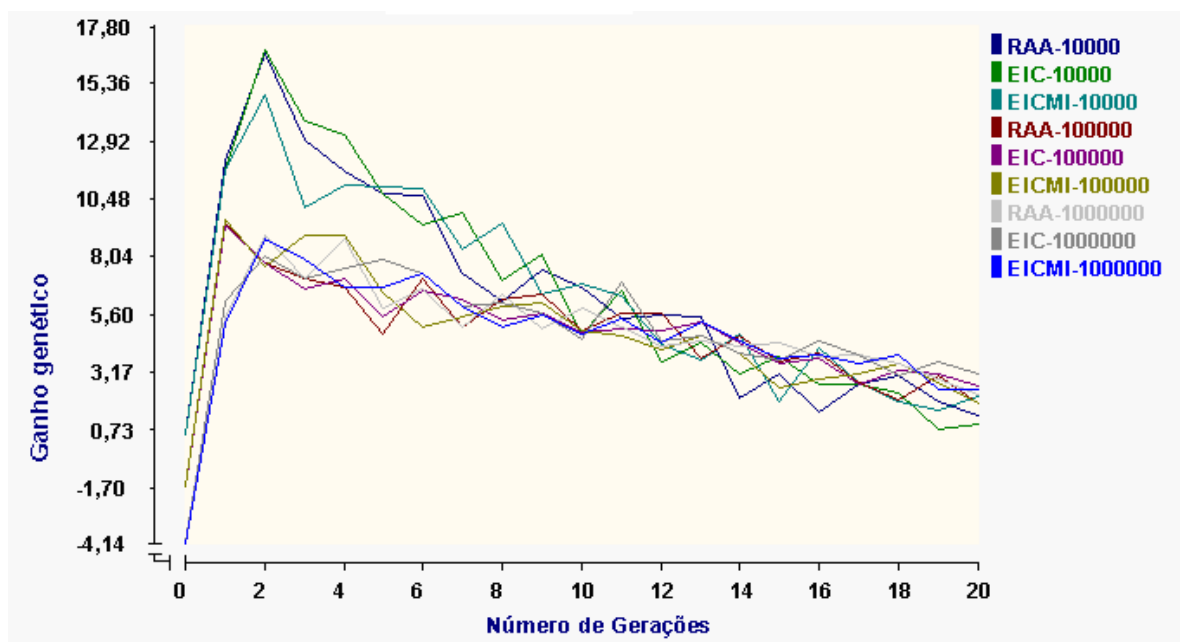


Figura 1b. Ganho genético de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

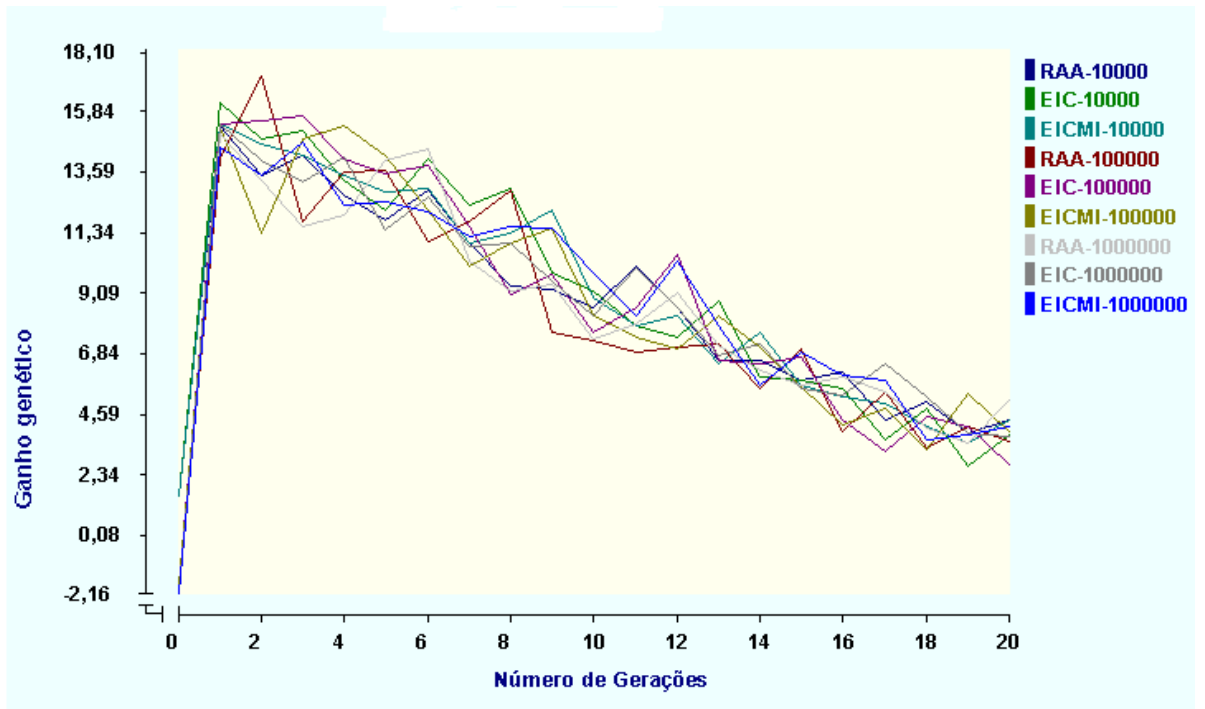


Figura 1c. Ganho genético de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

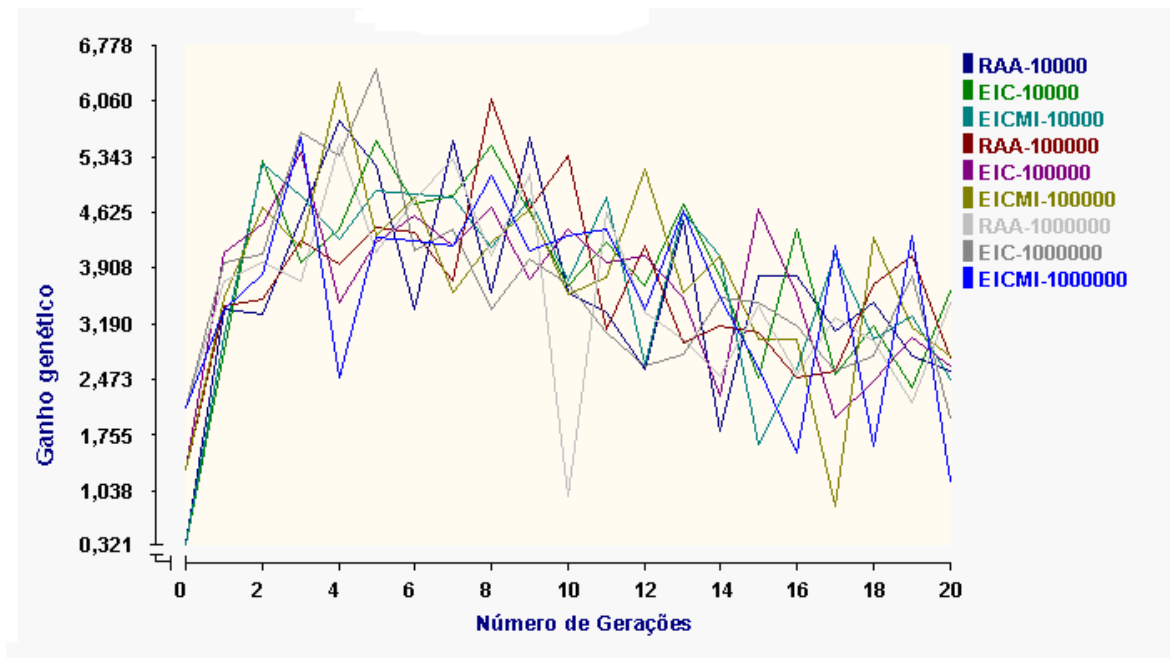


Figura 1d. Ganho genético de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

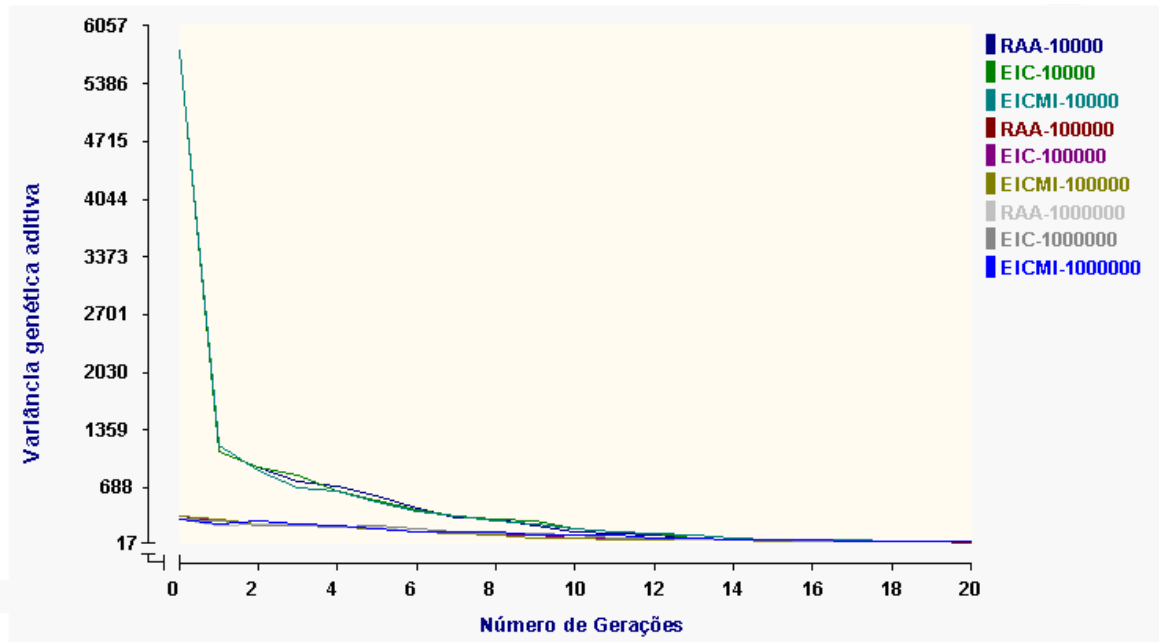


Figura 2a. Variância genética aditiva de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

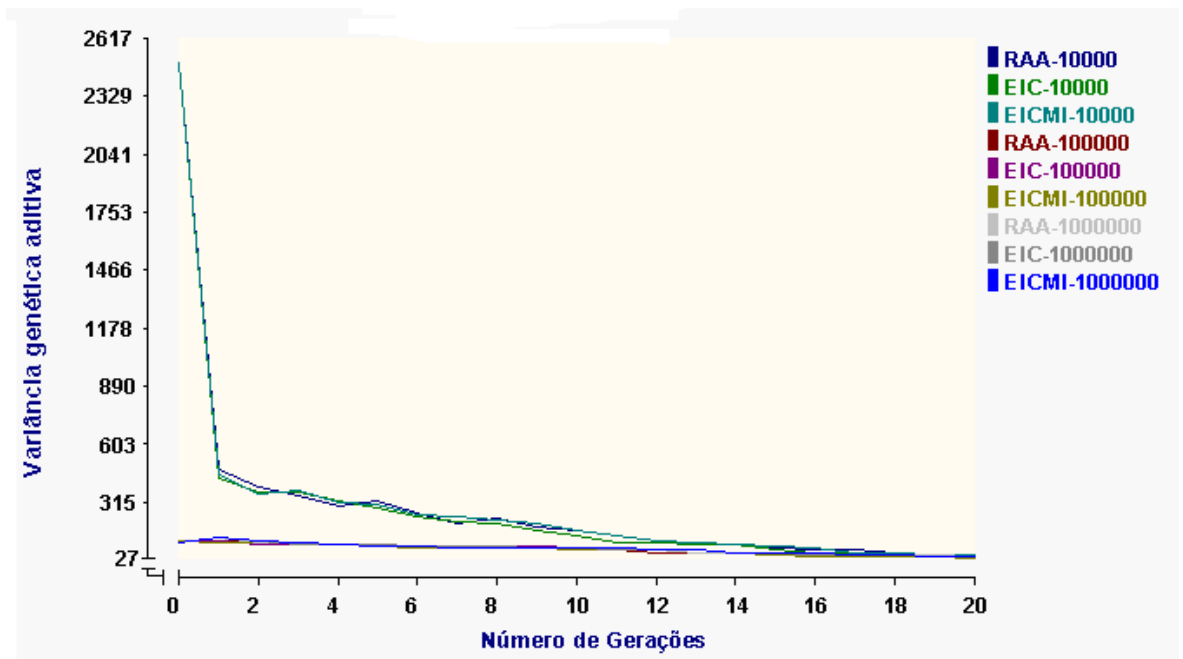


Figura 2b. Variância genética aditiva de populações submetidas a maior intensidade de seleção (IS1), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).

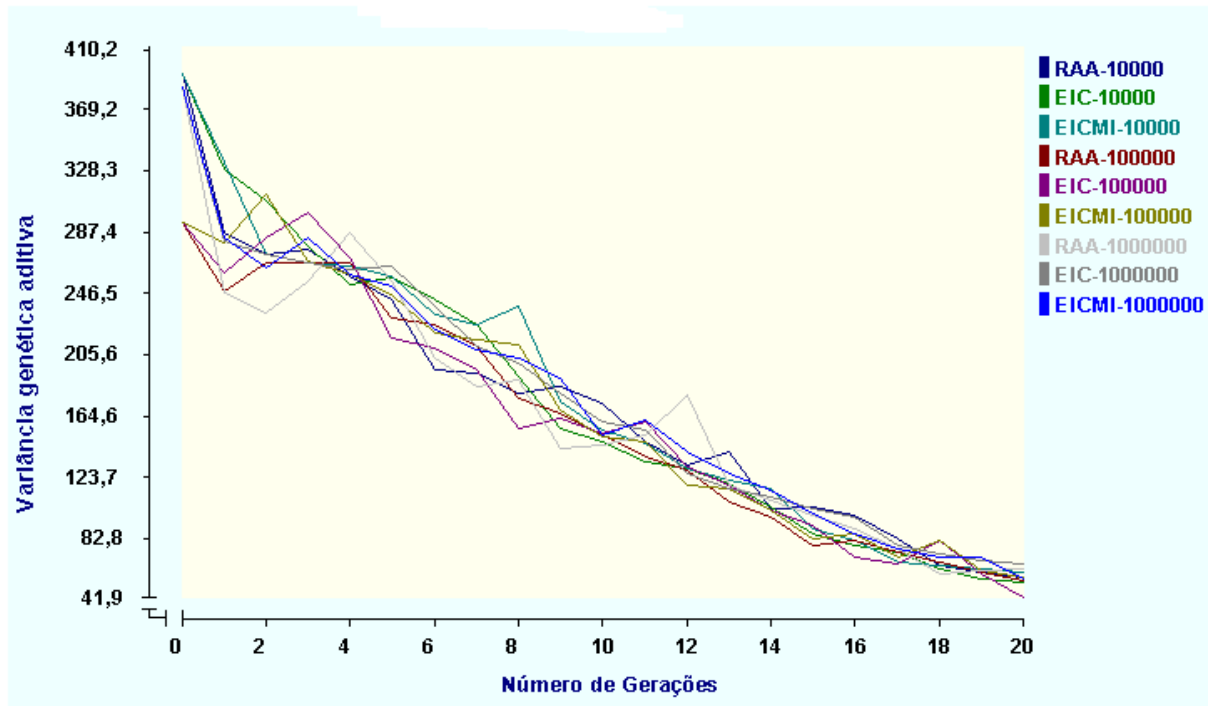


Figura 2c. Variância genética aditiva de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de alta herdabilidade ($h^2 = 0,60$).

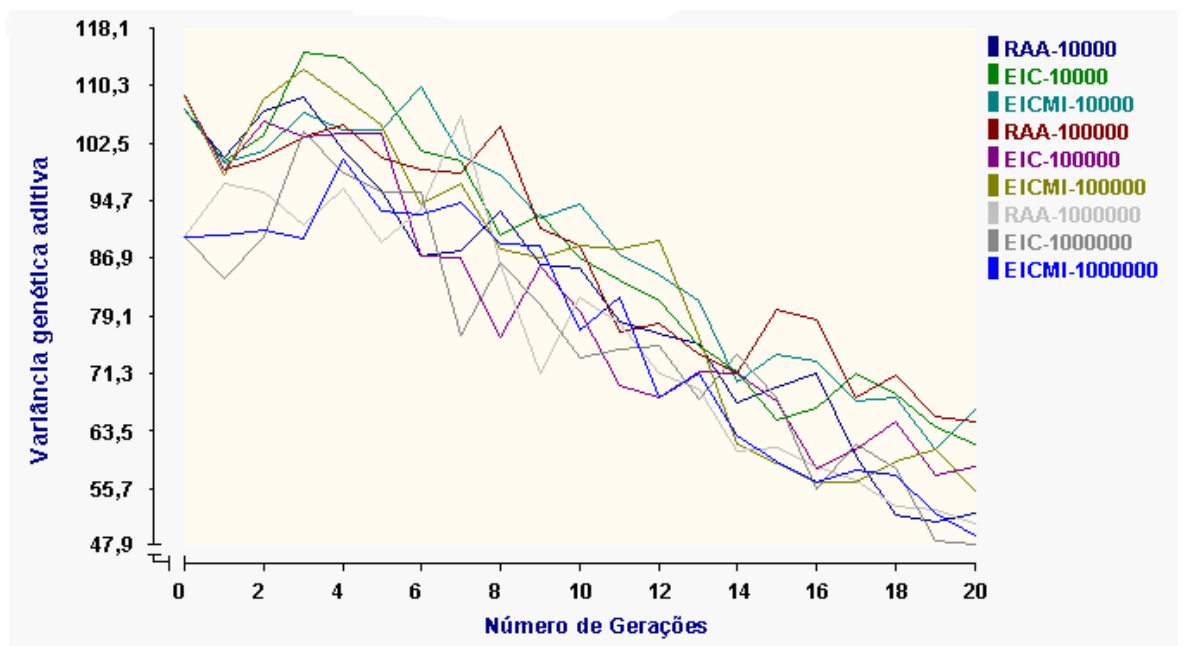


Figura 2d. Variância genética aditiva de populações submetidas a menor intensidade de seleção (IS2), sob diferentes taxas de mutação e sistemas de acasalamento, considerando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2 = 0,20$).