

MARIELE FREITAS SOUSA

**AVALIAÇÃO DA ENDOGAMIA EM UM PROGRAMA
DE MELHORAMENTO DE CODORNAS DE CORTE**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia, para
obtenção do título de *Magister
Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2009

MARIELE FREITAS SOUSA

**AVALIAÇÃO DA ENDOGAMIA EM UM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO DE CODORNAS DE CORTE**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa,
como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, para obtenção do título
de “Magister Scientiae”.

APROVADA: 13 de fevereiro de 2009

Prof. Sérgio Luiz de Toledo Barreto
(Co-Orientador)

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Co-Orientador)

Prof. Martinho de Almeida e Silva

Prof. José Braccini Neto

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

Aos meus maiores incentivadores,
meus pais e meus irmãos,
dedico este trabalho.

AGRADECIMENTOS

À Deus, por me dar força nos momentos mais difíceis.

À Universidade Federal de Viçosa, em especial ao Departamento de Zootecnia e ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pela oportunidade de realização deste curso.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão da bolsa de estudo.

Ao meu orientador, Prof. Robledo de Almeida Torres e sua família, pelo acolhimento e atenção desde os tempos de graduação.

Aos Professores Paulo Sávio Lopes, Ricardo Frederico Euclides e Sérgio Luiz de Toledo Barreto pelos valiosos ensinamentos durante todo o curso e pelas sugestões.

Aos professores Martinho e José Braccini.

Aos funcionários da Granja de Melhoramento de Aves e do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal de Viçosa.

À todos os meus amigos e colegas de pós-graduação, pela agradável convivência.

Aos amigos Rafael, André, Carla, Rodrigo, Mário, Ana Lúcia, Nicola, Cris, Jeferson e Luciano pelo apoio e constante incentivo durante a elaboração desse trabalho.

Aos estagiários e amigos da Granja de melhoramento de Aves pelo empenho e dedicação no dia-a-dia

Aos amigos de Viçosa pelo apoio e momentos de descontração.

Aos meus velhos e bons amigos pelo companheirismo e atenção ao longo destes anos.

À República pelo ambiente familiar.

Às pessoas que passaram e as que permanecem na minha vida.

A minha tia Lúcia, pelo carinho todo especial.

À minha família por sempre estar presente em minha vida.

Aos meus pais, Fernando e Maria Helena pelo amor e apoio durante toda a minha vida.

À meu irmão Marcelo e minha irmã Fernanda, pelo incentivo e amizade.

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

BIOGRAFIA

MARIELE FREITAS SOUSA, filha de Fernando Luis de Sousa e Maria Helena Freitas de Sousa, nasceu em Cataguases, MG, em 17 de fevereiro de 1983.

Em março de 2007, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa – MG, iniciando curso de mestrado em Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa nesse mesmo mês e ano.

Em 13 de fevereiro de 2009, submeteu-se aos exames finais de defesa de dissertação para obtenção do título de *Magister Scientiae* em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa.

ÍNDICE

1. RESUMO.....	vii
2. ABSTRACT.....	viii
3. INTRODUÇÃO.....	1
4. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
4.1. Endogamia.....	3
4.2. Tamanho efetivo.....	6
4.3. Depressão Endogâmica.....	7
5. MATERIAL E MÉTODOS.....	9
6. RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
7. CONCLUSÃO.....	28
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	29

RESUMO

SOUSA, Mariele Freitas, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2009. **Avaliação da Endogamia em um Programa de Melhoramento de Codornas de Corte.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientadores: Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Ricardo Frederico Euclides.

Foram utilizados dois grupos genéticos de codornas da subespécie *Coturnix coturnix coturnix*, totalizando 17985 aves, sendo 8746 da linhagem UFV1 e 9239 da linhagem UFV2, pertencentes ao Programa de Melhoramento de Codornas da Universidade Federal de Viçosa, com o objetivo de avaliar o efeito da endogamia nas características peso corporal das aves aos 28 e 42 dias de idade e produção de ovos. Utilizou-se o programa computacional MTDNFNRM ("Multiple Trait Derivative Free Numerator Relationship Matrix"), componente do sistema MTDNFREML (Boldman ET AL., 1995) para transformação dos registros dos animais em códigos numéricos, de modo que o número do animal sempre fosse maior que o número dos pais, e obter o coeficiente de endogamia das aves. O arquivo de pedigree completo foi utilizado para análise da estrutura genética da população, executada pelo programa ENDOG v. 4.5 (Gutiérrez E Goyache, 2008). O Grupo Genético UFV 1 apresentou um F médio de 0,54%, coeficiente de relação médio de 1,27% e 0,25% de incremento de endogamia. Do total de animais, 30,85% são endogâmicos, com um F médio de 1,73%, variando de 0,1% a 26,6 %. O tamanho efetivo encontrado foi de 200,38. O Grupo Genético UFV 2 apresentou um F médio de 0,76%, coeficiente de relação médio de 1,83% e 0,30% de incremento de endogamia. Do total de animais, 45,54% são endogâmicos, com um F médio de 1,67%, variando de 0,1% e 25,8 %. O tamanho efetivo encontrado foi de 164,42. A endogamia não influenciou nenhuma das características estudadas (peso corporal aos 28 e 42 dias e produção de ovos). O Grupo Genético UFV 2 apresentou menor tamanho efetivo, maior incremento de endogamia, menor número efetivo de fundadores e de ancestrais do que o UFV 1, requerendo maior controle nos acasalamentos das codornas selecionadas para reprodução.

ABSTRACT

SOUSA, Mariele Freitas, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2009. **Avaliation of inbreeding from a meat quail breeding program.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-Advisers: Sérgio Luiz de Toledo Barreto and Ricardo Frederico Euclides.

A total of 17,985 animals, within 8,746 quails from UFV1 strain and 9,239 from UFV2 strain, belonging to the Poultry Breeding Program of UFV were used to evaluate the effect of inbreeding on body weight characteristics at 28 and 42 days of age and egg production. The MTDNRM (Multiple Trait Derivative Free Numerator Relationship Matrix) software, a system component of MTDFREML (Boldman et al., 1995), was used to process the records of the quails in numerical codes, so the identification number of the quail was always greater than the identification number of their parents, and to obtain the coefficient of inbreeding of it quail. The complete pedigree file was used to analyze the genetic structure of the population by mean of ENDOG v. 4.5 software (Gutiérrez and GOYACHE, 2008). The UFV1 strain showed an average F of 0.54%, an average relationship coefficient of 1.27% and 0.25% of increment or new inbreeding. The percentage of inbred this strain was 30.85% with an average F of 1.73%, ranging from 0.1% to 26.6%. The effective population size was 200.38 quails. The UFV2 strain showed an average F of 0.76%, an average relationship coefficient of 1.83% and 0.30% of increment or new inbreeding. The percentage of inbred quails for this strain was 45.54%, with an average F of 1.67%, ranging from 0.1% to 25.8%. The effective population size was 164.42. Inbreeding did not affect body weight at 28 and 42 days and egg production. The UFV genetic group 2 showed a lower effective population size, larger increment or new inbreeding, smaller effective population size than UFV1, requiring more accurate control in mating of the selected quails.

1. INTRODUÇÃO

Endogamia ocorre em um plantel quando os acasalamentos são efetuados entre indivíduos aparentados, sua intensidade portanto é função direta do grau de parentesco dos animais acasalados. O coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população, quanto menor for o tamanho efetivo da população, em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e maior será o coeficiente de endogamia.

A endogamia aumenta o aparecimento dos efeitos deletérios de genes recessivos na população em decorrência de redução da heterozigose e conseqüente aumento da homozigose. Assim, muitas anomalias congênitas que só se manifestam em homozigose recessiva, podem se manifestar sob endogamia. Problemas que surgem com a utilização da endogamia que são letais ou semi-letais são facilmente identificados, porém podem ocorrer combinações gênicas desfavoráveis, as quais não são facilmente identificadas. Estas combinações indesejadas levam ao que se conhece por depressão endogâmica, que é o inverso da heterose. As perdas ocorridas pela conhecida depressão endogâmica são mais pronunciadas em características de fertilidade e sobrevivência.

A endogamia pode ser utilizada para detecção de genes recessivos deletérios e inativos em indivíduos heterozigotos e também para aumentar a prepotência, que é a capacidade de um indivíduo produzir filhos parecidos com ele próprio

Assim, a realização deste trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da endogamia nas características: peso corporal das aves aos 28 e 42 dias de idade e produção de ovos em um período de 140 dias de

codornas pertencentes ao programa de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Endogamia

O padrão de medida do grau de endogamia de um indivíduo é o coeficiente de endogamia de Wright (F). Originalmente expresso como o valor da correlação genética aditiva entre a união de dois gametas, é interpretado como a probabilidade de dois alelos de um indivíduo serem idênticos por descendência (MALÉCOT, 1948).

O F de um indivíduo pode ser calculado como a metade do parentesco entre seus pais. O parentesco, por sua vez, representa a porcentagem esperada de genes em comum entre indivíduos.

Existem duas causas possíveis do declínio da média do valor fenotípico de características quantitativas provocado pela endogamia. A primeira é que os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes, e a segunda é o fato do heterozigoto ter um valor fenotípico maior que o homozigoto (Crow e Kimura, 1970).

Tamanho da população e a proporção de machos para fêmeas são fatores importantes que têm um efeito sobre a taxa de endogamia (F) (Norberg and Sorensen, 2007).

Pirchner (1985) salientou que a endogamia não apenas reduz a média em características que apresentam heterose, mas também os animais endogâmicos parecem ser mais sensíveis às influências ambientais. O mesmo autor (Pirchner, 1983) sugere que a endogamia enfraquece a homeostase fisiológica, isto é, a habilidade de um indivíduo manter seu modelo fisiológico contra o impacto de influências ambientais.

Johansson & Rendel (1968), mencionam trabalhos norte-americanos a respeito da influência da endogamia que apontam para perdas em características reprodutivas e de vigor, e que relatam a ocorrência de mortalidade embrionária 15% mais alta, no caso de vaca endogâmica, e ainda maiores, quando a vaca endogâmica foi acasalada com touro aparentado com ela própria. Outro resultado bastante expressivo foi o de 36% de prenhez diagnosticadas de touros endogâmicos acasalados com vacas endogâmicas, contra 65,7% entre acasalamentos de animais não aparentados e não- endogâmicos.

Hill (1971) conduziu um experimento com suínos em que 146 linhagens Large White foram desenvolvidas para avaliar os efeitos da endogamia. O coeficiente de endogamia atingiu valores de 40 a 50%, e somente 18 linhagens sobreviveram. Em geral, a endogamia promove a mortalidade embrionária e, conseqüentemente, a redução no tamanho da leitegada, acompanhada por redução geral no vigor e na taxa de crescimento. Além disso, retarda a maturidade sexual e causa diferenças na taxa de ovulação e na produção de espermatozóides.

Segundo Silva et al. (2001), a falta de programa de acasalamento eficiente e o fato de se trabalhar com rebanhos fechados têm sido fatores determinantes no avanço contínuo do nível de endogamia e do número de animais endogâmicos.

Shimbo et al. (2000) ressaltaram que os acasalamentos entre parentes podem acontecer por diversas razões, por exemplo, nos casos em que criadores pretendem que os animais escolhidos transmitam suas características raciais a seus descendentes de forma mais intensa

(prepotência) ou, então, em populações pequenas, em que as opções de acasalamentos são reduzidas e não há como evitar que animais aparentados se acasalem.

Sousa et al. (2007), em estudo preliminar com 8384 animais, ao estudarem endogamia em duas linhagens de codornas, UFV 1 e UFV 2, observaram um coeficiente de consangüinidade de 0,36% para ambas as linhagens. Ao analisarem somente os animais endogâmicos, o coeficiente de consanguinidade foi de 2,21% e 1,61%, respectivamente, com valor de incremento igual a 0,23% por geração nas duas linhagens.

Em aqüicultura, a conexão entre número de reprodutores ou tamanho efetivo e endogamia é muito importante. Numa população fechada, em seleção, os acasalamentos entre parentes são muito mais prováveis, porque o número de ancestrais é relativamente pequeno. Além disso, a alta fecundidade observada na maioria das espécies permite altas intensidades de seleção. Pequeno número de reprodutores pode produzir toda uma geração sucessora, e isso conduz a aumento na endogamia. Assim, é comum observar em espécies de interesse comercial o “refrescamento de sangue” (introgressão de genes), com a introdução de animais de outros estoques ou capturados na natureza na população, para amenizar os efeitos da endogamia, como relatado por EKNATH e DOYLE (1990), no caso de espécies de carpa.

Em truta arco-íris, Aulstad e Kittelsen (1971) observaram alta ocorrência de deformidades em alevinos com coeficiente de endogamia igual a 0,25. Kincaid (1977) observou produtividade reduzida em níveis de endogamia acima de 18% em truta arco-íris. Kincaid (1983) relatou, nesta

espécie, aumento de deformidades em alevinos e redução na eficiência de conversão alimentar, na sobrevivência de alevinos e no peso corporal dos animais aos 147 e 364 dias de idade, em níveis de endogamia iguais a 0,25 e 0,37, respectivamente.

Endogamia é, portanto, um importante parâmetro para monitorar e controlar em programas de melhoramento (Norberg and Sorensen, 2007).

2.2. Tamanho Efetivo

Wright (1931) definiu tamanho efetivo populacional (N_e) como sendo o número de indivíduos que se acasalados ao acaso podem deixar filhos gerando a mesma taxa de endogamia observada na população em estudo. A taxa de aumento da endogamia média da população é inversamente proporcional ao tamanho efetivo da mesma.

Segundo Faria (2002), o tamanho efetivo da população é um dos aspectos que mais tem influência na endogamia, sendo que em populações maiores os incrementos de endogamia serão menores. Entretanto, a principal restrição para a utilização de tamanhos populacionais maiores é o custo elevado de manutenção da população, sendo então necessária a procura de um tamanho efetivo que proporcione os melhores resultados para a otimização da relação benefício-custo.

De acordo com Falconer (1981) várias situações podem reduzir o tamanho efetivo das populações, como número diferente de machos e

fêmeas por geração, número desigual de indivíduos em gerações sucessivas e distribuição não ao acaso do tamanho da família.

De acordo com Wright (1938), a oscilação do Ne pode ser atribuída a fatores como flutuações no tamanho da população, desvios da razão de sexos de 1:1 e diferenças no sucesso reprodutivo.

2.3. Depressão Endogâmica

Segundo Cavalheiro (2004), uma consequência do aumento da homozigose é a depressão endogâmica. Os efeitos prejudiciais da endogamia (depressão endogâmica) sobre características relacionadas à aptidão individual e à persistência populacional têm sido investigados por várias décadas (Hoglund, 2002).

Falconer (1987) ressaltou que muitas características de produção, como a taxa de crescimento e a eficiência alimentar, não apresentam alto grau de depressão endogâmica, de forma que a depressão não seria um fator tão importante para esses tipos de característica. Pelo contrário, a adaptação - uma combinação de características de sobrevivência e reprodução - geralmente não é submetida à seleção diretamente, em razão da sua baixa herdabilidade, mas tem, entretanto, grande importância econômica e é muito influenciada pela depressão endogâmica. Assim, no médio prazo, a restrição mais rigorosa à taxa de endogamia seria imposta pela depressão endogâmica na adaptação.

A redução da consangüinidade apresenta como vantagens, melhor uso da variabilidade genética disponível na população-base e diminuição na depressão causada pela própria endogamia, com relação à característica considerada na seleção. Além disso, pode haver diminuição na depressão para as características adaptativas. Deve ser ressaltado que essa depressão pode representar no presente, a mais séria restrição ao aumento na endogamia, em populações submetidas à seleção (Meuwissen e Woolliams, 1994).

3. MATERIAL E MÉTODOS

Foi utilizado para este estudo um banco de dados de codornas *Coturnix coturnix coturnix* do programa de melhoramento de aves da Universidade Federal de Viçosa.

Os dados avaliados foram obtidos de codornas que na fase inicial de criação foram criadas em box com piso de concreto e cama de maravalha, com aquecimento a gás, com o máximo de 750 codornas por campânula. As codornas foram pesadas aos 28 e 42 dias de idade. Aos 35 dias de idade foi feita seleção sendo as codornas mais pesadas colocadas em gaiolas para controle da postura e as codornas remanescentes mantidas em piso até o 42° dia de idade. A postura das fêmeas foi avaliada por quatro períodos de 35 dias consecutivos a partir do 42° dia de idade. Foram utilizados dois grupos genéticos de codornas da subespécie *Coturnix coturnix coturnix*, totalizando 17985 aves, sendo 8746 da linhagem UFV1 e 9239 da linhagem UFV2.

As codornas foram mantidas nas gaiolas de arame galvanizado com seis repartições nas medidas: 0,90m de comprimento x 0,44m de largura x 0,23m de altura sendo na largura, 0,15 m de aparador de ovos, durante a avaliação da postura. As gaiolas foram equipadas com comedouros lineares na parte frontal e bebedouro linear entre as gaiolas, com fornecimento de água corrente.

As codornas foram alimentadas com dietas formuladas de acordo com o sistema NRC (1994) para todas as fases da vida produtiva das mesmas, sendo que, tanto ração quanto água foram fornecidas à vontade.

Utilizou-se o programa computacional MTDFNRM (“Multiple Trait Derivative Free Numerator Relationship Matrix”), componente do sistema MTDFREML (Boldman ET AL., 1995) para transformação dos registros dos animais em códigos numéricos, de modo que o número do animal sempre fosse maior que o número dos pais, e obter o coeficiente de endogamia das aves.

O arquivo de pedigree completo foi utilizado para análise da estrutura genética da população, executada pelo programa ENDOG v. 4.5 (Gutiérrez e Goyache, 2008).

O programa ENDOG utiliza o algoritmo proposto por Meuwissen e Luo (1992) para o cálculo do coeficiente de endogamia (F). O incremento de endogamia (ΔF), calculado para cada geração, foi obtido utilizando a fórmula clássica:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

em que F_t e F_{t-1} são a endogamia média na $t^{\text{ésima}}$ geração ($i=1, \dots, t$).

Utilizando-se o ΔF para as gerações em que $F_t > F_{t-1}$, o programa ENDOG calcula o tamanho efetivo da população (N_e), pela fórmula:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

O número de gerações completas traçadas (g) é definido como a geração mais distante em que todos os ancestrais sejam conhecidos, ou

seja, que separa a progênie da mais distante geração em que 2^g ancestrais do indivíduo são conhecidos. O número máximo de gerações traçadas é o número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais remoto. O número equivalente de gerações completas, por sua vez, é obtido pelo somatório dos termos (1/2)ⁿ de todos os ancestrais conhecidos, em que *n* é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido (MAIGNEL et al., 1996).

O “coeficiente de relação médio” (CR), ou *average relatedness coefficient*, pode ser calculado ao mesmo tempo que os coeficientes de endogamia. Para a obtenção dos CR, utiliza-se de um algoritmo para obter um vetor **c'**, em que cada elemento corresponde ao CR do respectivo animal, definido como:

$$\mathbf{c}' = (1/n) \mathbf{1}'\mathbf{A} \quad [1]$$

em que **A** é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco de Wright (NRM) (Henderson, 1976), de tamanho *n* x *n*, e **1** é um vetor de um, de ordem 1 x *n*, sendo *n* o número de animais. A NRM pode ser obtida a partir de uma matriz **P**, em que *p_{ij}* é igual a 1, se *j* é pai de *i* e 0, caso contrário, a qual identifica os pais dos animais (Quass, 1976). Dessa forma:

$$\mathbf{A} = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}')^{-1} \quad [2]$$

em que **D** é uma matriz diagonal, com os elementos da diagonal não-nulos, os quais são obtidos por:

$d_{ii} = 1$, se nenhum dos pais é conhecido;

$d_{ii} = \frac{3}{4}$, se um dos pais é conhecido; e [3]

$d_{ii} = \frac{1}{2}$, se ambos os pais são conhecidos.

Dentre as vantagens de utilizar o coeficiente de relação médio (CR), Gutiérrez e Goyache (2005) citaram: i) baixo custo computacional para sua obtenção, uma vez que utiliza algoritmos comuns aos do cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco; ii) pode ser utilizado como medida da endogamia em toda a população, por levar em consideração os coeficientes de endogamia e de parentesco; e iii) pode ser utilizado como um índice para manutenção do estoque genético inicial pela seleção de indivíduos para reprodução com menores valores de CR. Além disso, o CR pode ser utilizado para calcular o tamanho efetivo de fundadores (f_e) na população, pelo inverso da soma de quadrados dos CR entre os animais fundadores.

Consideraram-se como animais fundadores aqueles importados e os de genealogia desconhecida.

O número efetivo de fundadores (f_e) é calculado por:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

em que q_k é a probabilidade de o gene ser originado do fundador k , ou alternativamente, q_k é o CR do fundador k .

O número efetivo de ancestrais (f_a) é calculado de maneira similar ao número efetivo de fundadores:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2}$$

em que q_j é a contribuição marginal de um ancestral j (não necessariamente fundador), ou seja, a contribuição genética de ancestral que não é explicada por um ancestral escolhido anteriormente.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o procedimento GLM (*General Linear Models*) do SAS (*Statistical Analysis System*) (SAS, 2004).

O modelo utilizado nas análises de variância para as características Peso aos 28 dias e peso aos 42 dias foi

$$Y_{ijk} = \mu + GE_i + S_j + b_1(F_{ijk} - F_m) + b_2(F_{ijk} - F_m)^2 + e_{ijk}; \text{ em que}$$

Y_{ijk} = Observação k na geração/eclosão i e sexo j ;

μ = constante inerente a todas as observações;

GE_i = efeito da geração/eclosão i ;

S_j = efeito do sexo j ;

b_1 = coeficiente de regressão linear da característica em estudo em relação ao coeficiente de endogamia do indivíduo;

b_2 = coeficiente de regressão quadrática da característica em estudo em relação ao coeficiente de endogamia do indivíduo;

F_{ijk} =coeficiente de endogamia;

F_m = coeficiente de endogamia médio;

e_{ijk} = vetor de erro aleatório com média zero e variância σ_e^2 .

O modelo utilizado nas análises de variância para a taxa de Postura foi:

$$Y_{ij} = \mu + GE_i + b_1(F_{ij} - F_m) + b_2(F_{ij} - F_m)^2 + e_{ij}; \text{ em que}$$

Y_{ij} = Observação j na geração/eclosão i;

μ = constante inerente a todas as observações;

GE_i = efeito da geração/eclosão i;

b_1 = coeficiente de regressão linear da característica em estudo em relação ao coeficiente de endogamia do indivíduo;

b_2 = coeficiente de regressão quadrática da característica em estudo em relação ao coeficiente de endogamia do indivíduo;

F_{ij} = coeficiente de endogamia;

F_m = coeficiente de endogamia médio;

e_{ij} = vetor de erro aleatório com média zero e variância σ_e^2 .

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Grupo Genético UFV 1

O pedigree estudado continha 8746 animais com F médio de 0,54% e coeficiente de relação médio de 1,27% e 0,25% de incremento ou nova endogamia. Baixo coeficiente de relação médio associado a baixo coeficiente de endogamia indicam baixa frequência de acasalamentos entre parentes dentro das linhagens.

De acordo com a figura 1, 30,85% das codornas são endogâmicas, com média de coeficiente de endogamia de 1,73%, que variou de 0,1% a 26,6 %.

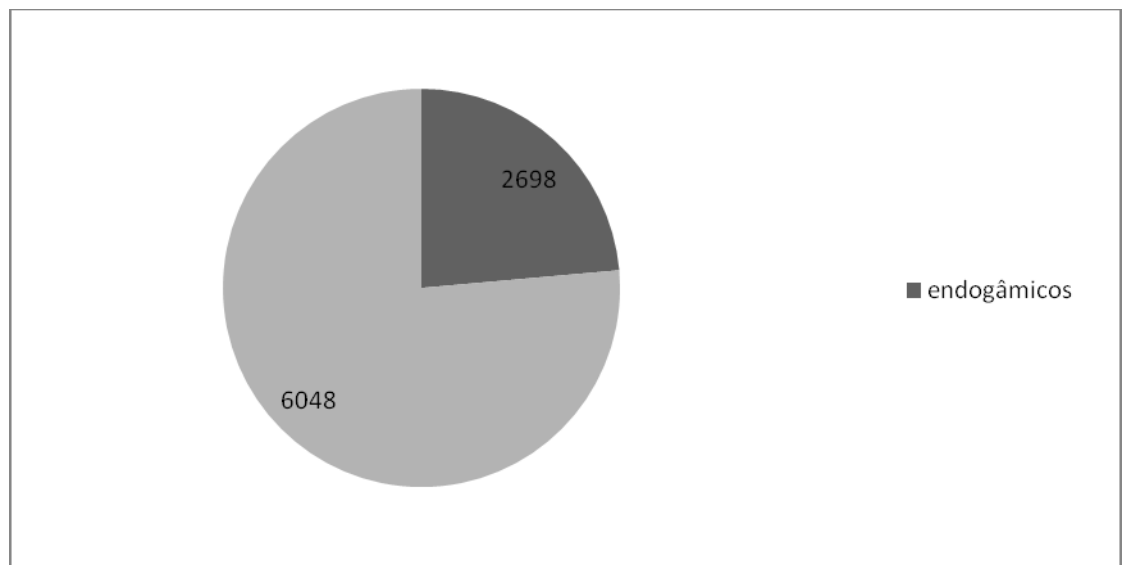


Figura 1: Número de animais endogâmicos e não-endogâmicos no grupo genético UFV1.

O N_e calculado pelo coeficiente de regressão do coeficiente de endogamia individual sobre o número de diferentes tipos de gerações traçadas encontra-se na Tabela 1. Em populações em que a informação

de pedigree disponível é escassa, essas diferentes estimativas podem ser úteis para indicar os limites superior, inferior e “real” do número efetivo (N_e) na população analisada (Gutiérrez e Goyache, 2005).

Tabela 1 – Número médio de gerações, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada.

Tipo de Gerações	Número médio	ΔF	N_e
Completas ¹	3,25	0,25%	200,38
Máximas ²	3,84	0,15%	331,19
Equivalentes ³	3,57	0,24%	206,57

¹ Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

² Número de gerações que separa o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

³ Somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido.

O tamanho efetivo encontrado para o grupo genético 1 foi 200,38, que pode ser considerado bom. Um fato que contribuiu para esse resultado é a utilização da proporção de machos e fêmeas nos cruzamentos. O incremento de endogamia ou nova endogamia, conforme citado por Lopes (2005), é influenciado pelo sexo menos numeroso, sendo mínimo quando o número de machos na reprodução é igual ao número de fêmeas, quando os acasalamentos são ao acaso e utiliza-se um macho para uma fêmea.

O incremento de endogamia também pode ser considerado baixo, o que resulta em baixos valores de F ao longo das gerações. As codornas

possuem pequeno intervalo de geração, podendo ocorrer várias gerações em um mesmo ano, o que pode acarretar incremento rápido da endogamia, desde que o sistema de acasalamento não seja controlado.

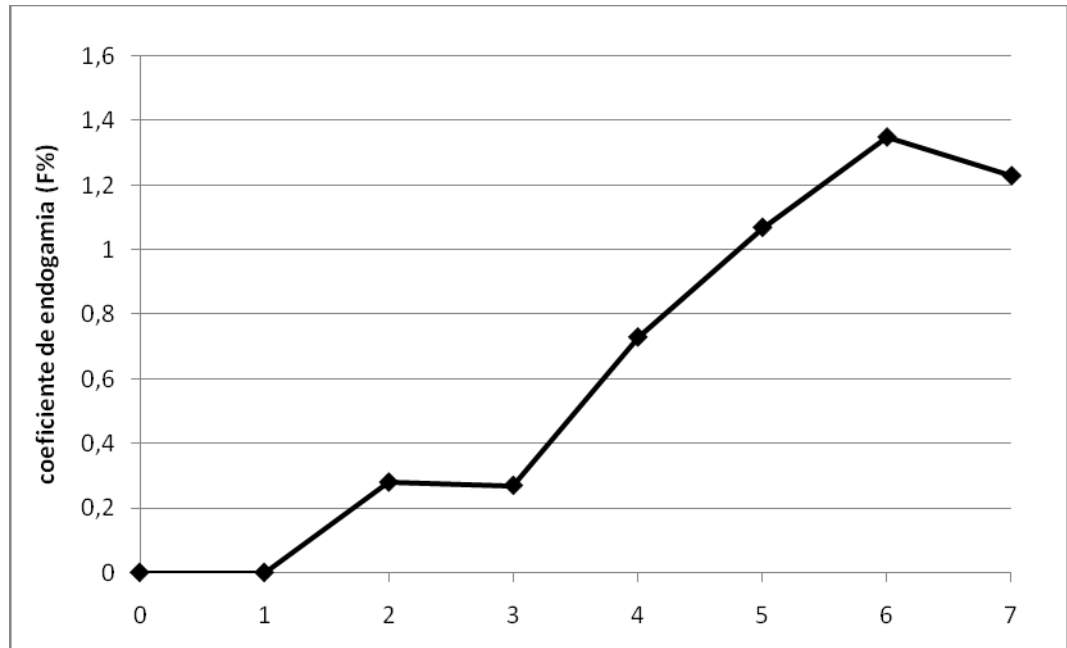


Figura 2: Tendência da Endogamia por geração de animais da linhagem UFV1.

Ao analisarmos o coeficiente de endogamia na população total em função das gerações (Figura 2) observamos que o pequeno aumento é devido ao adequado tamanho efetivo da população. Com o passar das gerações, houveram cruzamentos entre animais da mesma população, aumentando assim o grau de parentesco e consequentemente o coeficiente de endogamia. Resultado semelhante foi encontrado por Queiroz et. al.(2000), ao estudar animais da raça Gir no Brasil e DeLaat et. al.(2004), ao estudar animais da raça Campolina.

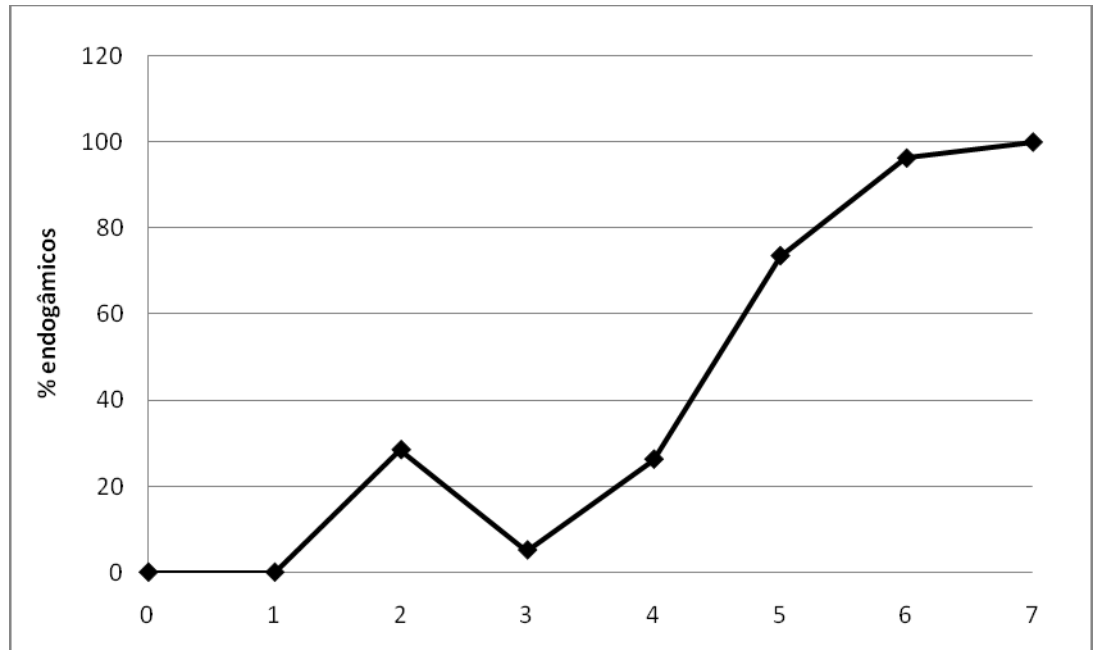


Figura 3: Percentagem de animais endogâmicos, na Linhagem UFV 1, por geração

A percentagem de animais endogâmicos em relação à população total (Figura 3), mostra ao longo das gerações, pequeno decréscimo observado na geração 3. A partir daí há crescente aumento até atingir 100% na sétima geração. Isso pode ser explicado pelo fato desse plantel ser uma população fechada, e sem a preocupação de direcionar os acasalamentos, assim a tendência foi aumentar as chances de que ocorressem acasalamentos entre parentes, o que resulta em maior número de animais endogâmicos.

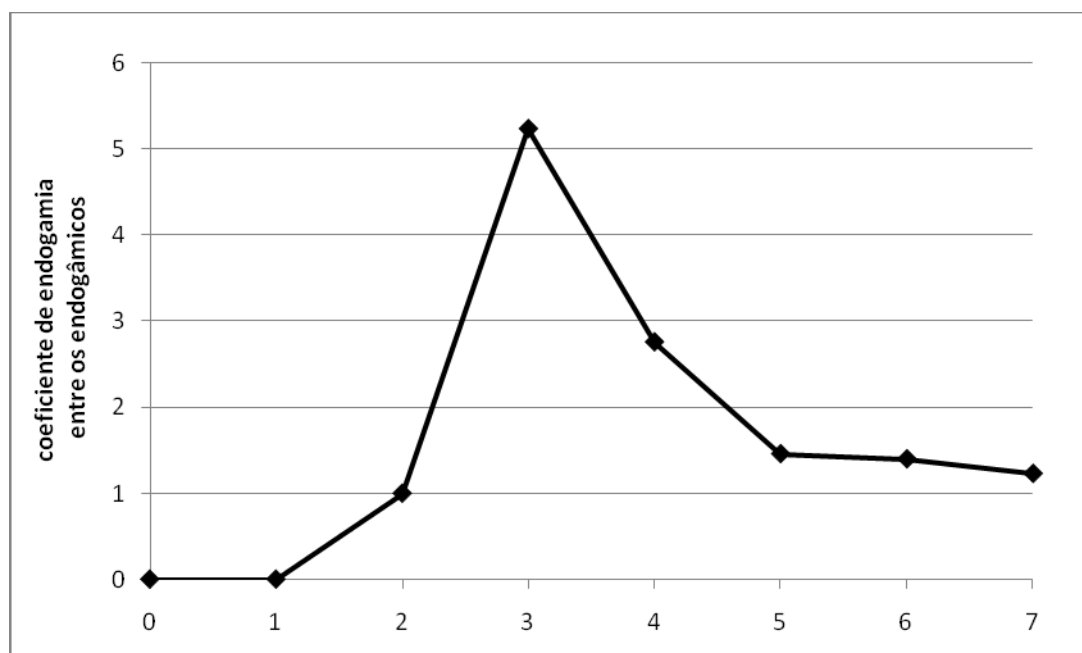


Figura 4: Tendência da endogamia por geração de animais endogâmicos da linhagem UFV1

Porém é importante notar que, apesar do aumento no número de animais endogâmicos, a média de endogamia destes animais reduziu a partir da geração 3 indicando menor número de codornas endogâmicas e menor F ao longo das gerações (figura 4). Este mesmo comportamento ocorreu com a população de animais da raça holandesa no Brasil, como descrito por Paiva (2007).

A população-referência, em que ambos os pais são conhecidos, continha 8338 animais, uma vez que 408 animais apresentavam um ou ambos os pais desconhecidos. O número efetivo de fundadores (f_e) foi equivalente a 159,08, e o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores é de 0,31%.

O número de ancestrais que contribuiu para a população-referência foi 489, dos quais apenas 49 foram responsáveis pela origem de 50% dos genes da população. O número efetivo de ancestrais (f_a) equivale a 138.

Grupo Genético UFV 2

O pedigree estudado continha 9239 animais com um F médio de 0,76% e coeficiente de relação médio de 1,83%. De acordo com a figura 1 45,54% são endogâmicos, com um F médio de 1,67% e 0,30% de incremento de endogamia, com um valor mínimo e máximo de F de 0,1% e 25,8 % respectivamente.

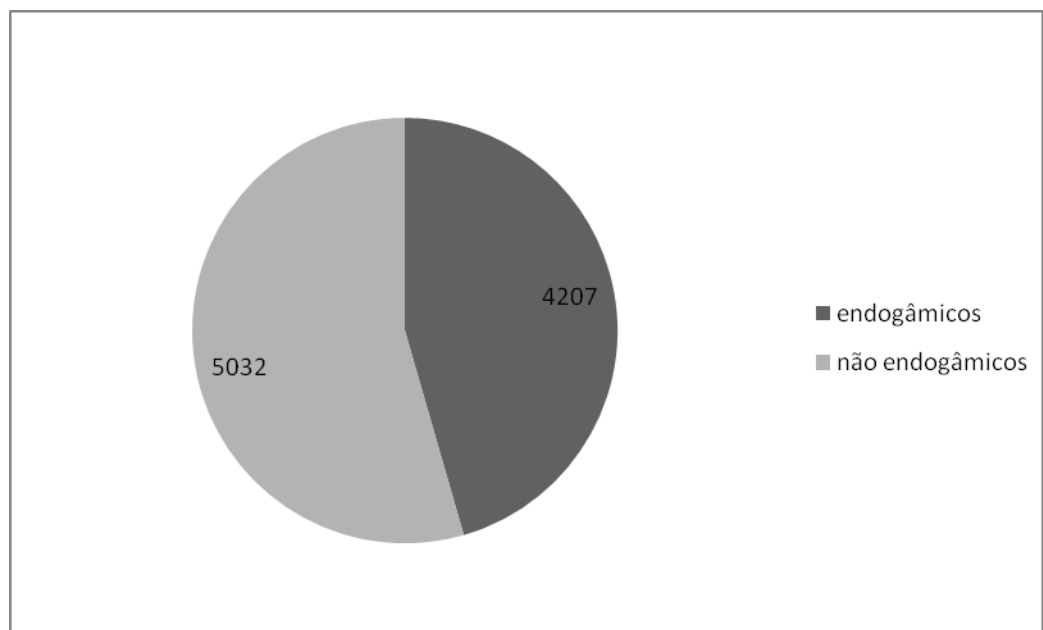


Figura 5: Número de animais endogâmicos e não-endogâmicos no grupo genético UFV2

O N_e calculado pelo coeficiente de regressão do coeficiente de endogamia individual sobre o número de diferentes tipos de gerações traçadas encontra-se na Tabela 2.

Tabela 2 – Número médio de gerações, incremento de endogamia (ΔF) e tamanho efetivo (N_e) por tipo de geração considerada

Tipo de Gerações	Número médio	ΔF	N_e
Completas ¹	3,97	0,30%	164,42
Máximas ²	4,17	0,29%	173,74
Equivalentes ³	4,11	0,31%	161,92

¹ Geração mais distante em que todos os ancestrais são conhecidos.

² Número de gerações que separa o indivíduo de seu ancestral mais remoto.

³ Somatório dos termos $(1/2)^n$ de todos ancestrais conhecidos, em que n é o número de gerações que separa o indivíduo de cada ancestral conhecido.

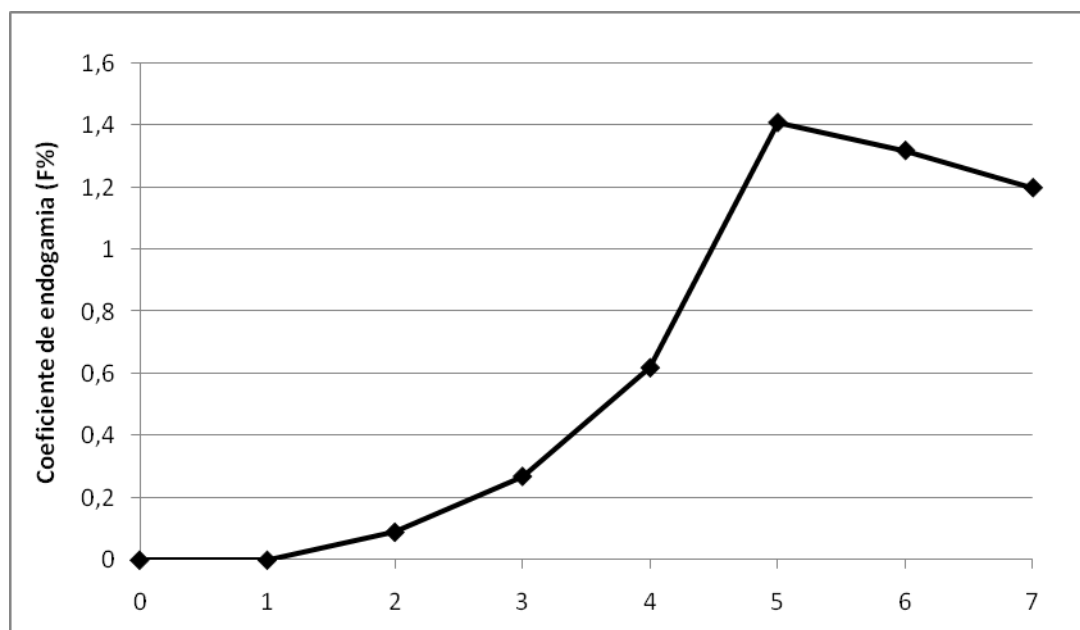


Figura 6: Coeficiente de endogamia por geração de animais da linhagem UFV2.

De acordo com a figura 6, houve tendência de aumento no coeficiente de endogamia médio ao longo das gerações até a geração 5, atingindo valor de 1,41%. A partir daí o F diminuiu até o valor de 1,20% na sétima geração.

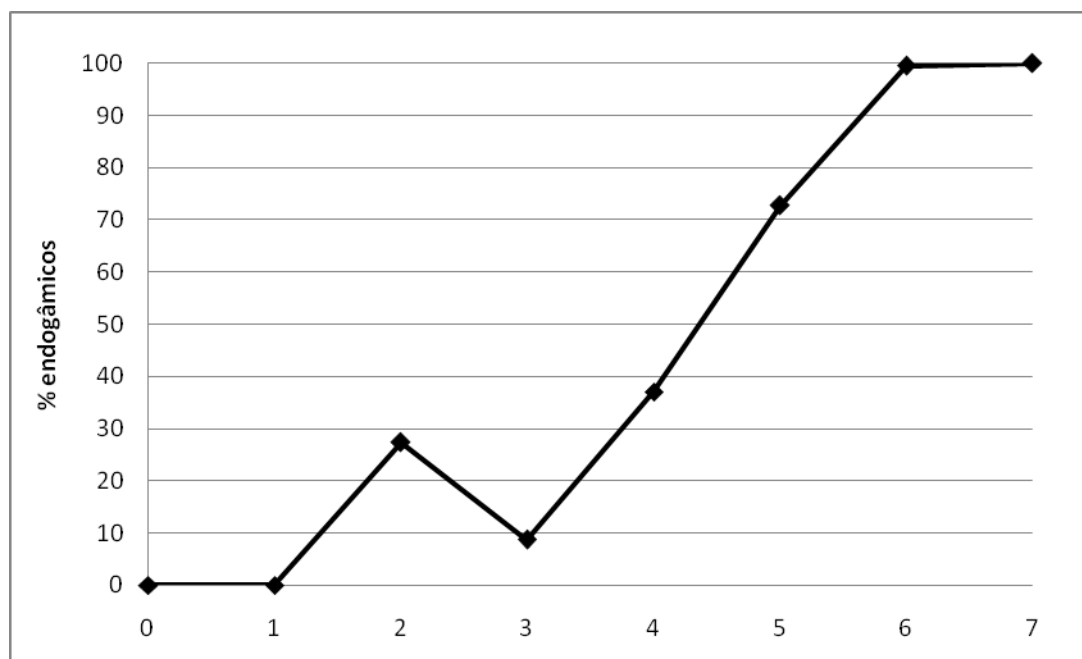


Figura 7: Percentagem de animais endogâmicos, na Linhagem UFV2, por geração.

Houve tendência de aumento do número de animais endogâmicos ao longo das gerações (Figura 7), com pequeno decréscimo na geração 3. A partir daí, observou-se aumento da percentagem de indivíduos endogâmicos até atingir 100% na sétima geração.

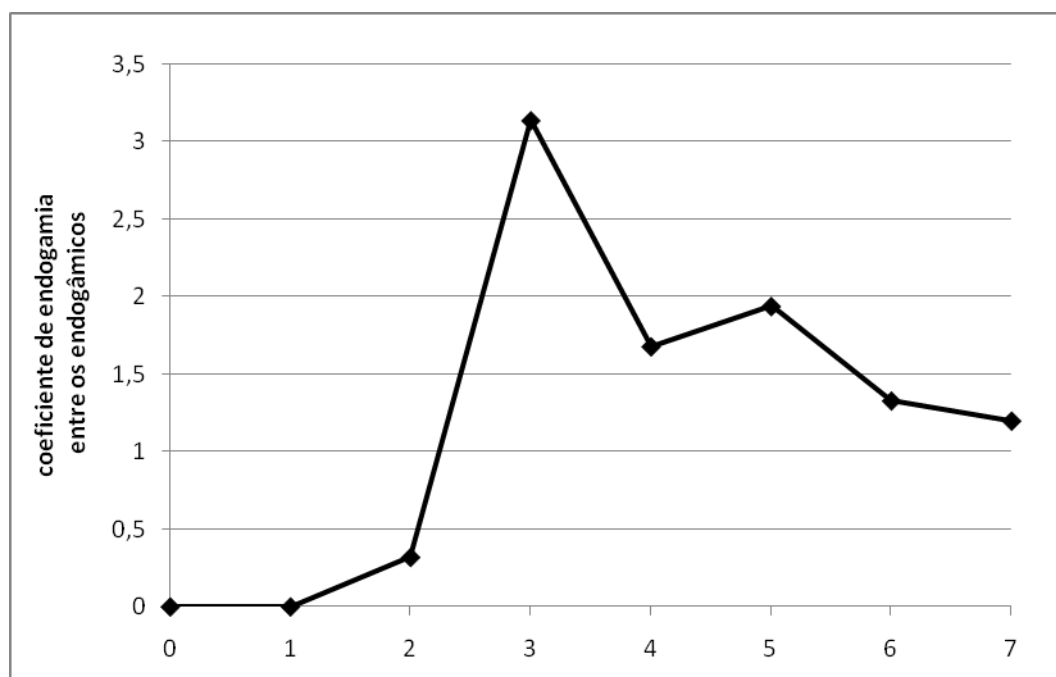


Figura 8: Coeficiente de endogamia por geração de animais endogâmicos da linhagem UFV2

O grupo genético UFV 2 apresentou resultados semelhantes ao grupo genético UFV 1.

A população-referência, em que ambos os pais são conhecidos, continha 9038 animais, uma vez que 203 animais apresentavam um ou ambos os pais desconhecidos. O número efetivo de fundadores (f_e) foi equivalente a 111,78 e o incremento esperado de endogamia causado pela contribuição desbalanceada dos fundadores é de 0,45%.

O número de ancestrais que contribuiu para a população-referência foi 277, dos quais apenas 41 foram responsáveis pela origem de 50% dos genes da população. O número efetivo de ancestrais (f_a) equivale a 106. O parâmetro f_a é sempre inferior ou igual ao f_e , por levar em consideração o “efeito gargalo” no pedigree.

Efeito da Endogamia sobre as características:

Grupo Genético UFV1

O número de observações, médias e desvio padrão das características estudadas encontram-se na tabela 3.

Tabela 3: Número de observações (N), médias estimadas e desvio padrão (D.P.) das características estudadas

Características	N	Médias	D.P.	mínimo	máximo
Peso aos 28 dias	5232	196,757	23,692	122,00	269,00
Peso aos 42 dias	5019	261,529	31,471	167,00	359,00
Produção de ovos	724	111,769	17,277	62	140

As análises de variância das características estudadas estão apresentadas nas tabelas 4-6.

Tabela 4: Resumo da análise de variância de peso aos 28 dias

FV	GL	QM	Significância
Geração/eclosão	10	125569,732	<0,0001
aSexo	1	66325,626	<0,0001
bEndogamia	1	190,668	0,4293
eEfeito Linear	1	72,435	0,6261
l Endogamia	1	72,435	0,6261
aEfeito Quadrático	1	72,435	0,6261
Erro	5218	305,145	

5

Tabela 5: Resumo da análise de variância de peso aos 42 dias

FV	GL	QM	Significância
Geração/eclosão	10	151307,707	<0,0001
Sexo	1	589495,391	<0,0001
Endogamia	1	7,655	0,9081
Efeito Linear	1	7,655	0,9081
Endogamia	1	31,874	0,8139
Efeito Quadrático	1	31,874	0,8139
Erro	5005	574,937	

Tabela 6: Resumo da análise de variância de Produção de ovos.

FV	GL	QM	Significância
Geração/eclosão	4	12889,81375	<0,0001
Endogamia	1	67,22645	0,5836
Efeito Linear	1	67,22645	0,5836
Endogamia	1	5,38284	0,8767
Efeito Quadrático	1	5,38284	0,8767
Erro	712	223,5437	

Houve efeito significativo para de geração/eclosão e sexo sobre as características estudadas. Nas codornas de corte as fêmeas são maiores que os machos, em razão do aparelho reprodutivo das fêmeas ser muito desenvolvido, podendo representar 10% do seu peso vivo. Não foi encontrado efeito significativo da endogamia sobre nenhuma das características estudadas, o que pode ser explicado pela pequena taxa de endogamia na população atual. Penna (1990), Queiroz (2000), Paiva (2007) e Reis Filho (2006) encontraram efeito significativo da endogamia sobre características de produção, estudando diferentes raças de bovino.

Grupo Genético UFV2

O número de observações, médias e desvio padrão das características estudadas encontram-se na tabela 7.

Tabela 7: Número de observações (N), médias estimadas e desvio padrão (D.P.) das características estudadas

Características	N	Médias	D.P.	mínimo	máximo
Peso aos 28 dias	5462	202,938	24,414	126,00	279,00
Peso aos 42 dias	4944	273,072	33,953	172,00	379,00
Produção de ovos	738	112,6029810	18,526253	61	140

As análises de variância das características estudadas estão apresentadas nas tabelas 8-10.

Tabela 8: Resumo da análise de variância de peso aos 28 dias

FV	GL	QM	Significância
Geração/eclosão	10	125917,704	<0,0001
Sexo	1	67612,058	<0,0001
Endogamia	1	37,183	0,7324
Efeito Linear			
Endogamia	1	12,246	0,8444
Efeito Quadrático			
Erro	5448	317,908	

Tabela 9: Resumo da análise de variância de peso aos 42 dias

FV	GL	QM	Significância
Geração/eclosão	10	138821,118	<0,0001
Sexo	1	772704,554	<0,0001
Endogamia	1	8,454	0,9115
Efeito Linear			
Endogamia	1	161,559	0,6270
Efeito Quadrático			
Erro	4930	683,860	

Tabela 10: Resumo da análise de variância de produção de ovos

FV	GL	QM	Significância
Geração/eclosão	4	16924,86909	<0,0001
Endogamia	1	45,68239	0,6679
Efeito Linear			
Endogamia	1	47,62686	0,6614
Efeito Quadrático			
Erro	726	248,0002	

O grupo genético UFV 2 não apresentou efeito significativo da endogamia em nenhuma das características estudadas, semelhante ao que aconteceu no grupo genético UFV1.

5. CONCLUSÃO

- Os grupos genéticos UFV1 e UFV2 possuem baixo coeficiente de endogamia e baixo incremento de endogamia.
- Os grupos genéticos UFV1 e UFV2 possuem tamanho efetivo satisfatório.
- O grupo genético UFV 2 apresentou menor tamanho efetivo, maior incremento de endogamia , menor número efetivo de fundadores e de ancestrais do que na UFV 1
- Não houve efeito da endogamia sobre as características avaliadas nos dois grupos genéticos.

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AULSTAD, D., and KITTELSEN A., 1971. Abnormal body curvatures of rainbow trout (*Salmo gairdneri*) inbred fry. **Journal of the Fisheries Research Board of Canadá** 28: 918:1920

BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D. **A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]**. Beltsville: U.S. Department of agriculture, Agricultural Research Service, 1995. 125 p.

CAVALHEIRO, R. **Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte**. In: II Gempec - Workshop em Genética e Melhoramento na Pecuária de Corte, 2004.

CROW, J. F.; KIMURA, M. **An Introduction to Population Genetics Theory**. New York: Harper and Row, 1970, 591p.

DELAAT, D. M. ; FONSECA, C. G. . **Avaliação da contribuição genética e endogamia na Raça Campolina**. In: V Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004, Pirassununga. V Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Pirassununga : Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 2004.

EKNATH, A. E.; DOYLE, R. W. Effective population size and rate of inbreeding in aquaculture of Indian major carps. **Aquaculture**, v. 85, p. 293-305, 1990.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. de M.A. Silva e J.C. Silva. Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ, 1987. 279 p.

FARIA, F.J.C. et al . Parâmetros Populacionais do Rebanho Sindi Registrado no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 30, n. 6, pp. 1989-1994 Dec. 2001 .

FARIA, F.J.C. Estrutura genética das populações zebuínas brasileiras registradas. Belo Horizonte: Universidade Federal de Minas Gerais, 2002. 243p. Tese (Doutorado em Melhoramento Animal) - Universidade Federal de Minas Gerais, 2002.

HILL, W.G. Hybridisation in pigs. **Vet.Rec.** v.89, n.2, p.86-96, 1971

HOGLUND, J., PIERTNEY, S. B., ALATALO, R. V., LINDELL, J., LUNDBERG, A. & RINTAMA-KI, P. T. 2002 Inbreeding depression and male fitness in black grouse. *Proc. R. Soc. Lond. B* 269, 711–715. (DOI 10.1098/rspb.2001.1937.)

JOHANSSON, I., RENDEL, J., **Genetics and animal breeding**. W.H.Freeman and Company – 1968, San Francisco.

GUTIÉRREZ J.P. AND GOYACHE F. (2005) A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.

KINCAID, H. L. ,BRIDGES, W. R. and VON LIMBACH, B. Three Generations of Selection for Growth Rate in Fall-Spawning Rainbow Trout. **Transactions of the American Fisheries Society** Article: pp. 621–628 [Volume 106, Issue 6 \(November 1977\)](#)

KINCAID, H. L. Inbreeding in fish populations used for aquaculture. **Aquaculture**, v. 33, p. 215-227, 1983.

LOPES, P. S., PIRES, A. V., REIS FILHO, J. C., TORRES, R. A. **Teoria do melhoramento animal**. Belo Horizonte, MG: FEPMVZ, 2005. p. 118.

MALÉCOT G. **Les mathématiques de l'hérédité**. Paris: Masson & Cie, 1948.

MEUWISSEN, T.H.E.; Luo, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genet. Sel. Evol.**, v.24, p.305-313, 1992.

MEUWISSEN, T. H. E.; WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 1019-1026, 1994.

MURAKAMI, A. E.; ARIKI, J. **Produção de codornas japonesas**. Jaboticabal: Funep, 1998. 79p.

NORBERG E. AND SORENSEN A. C.. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down **J. Anim Sci**. 2007. 85:299-304. doi:10.2527/jas.2006-257

NRC - NATIONAL RESEARCH COUNCIL - Nutrient requirements of poultry. National Academic Press, Washington, D.C., 1994, p.44-45.

PAIVA, A. L. C.; FREITAS, M. S.; YAMAKI, M. et al Avaliação da endogamia na Raça Holandesa no Brasil. In: ZOOTEC 2007 - congresso brasileiro de zootecnia, 17.; congresso internacional de zootecnia, 9.; reunião nacional de ensino de zootecnia, 13., 2007, Londrina. **Anais**. Londrina: UEL / ABZ, 2007. 1 CD.

PENNA, V.M. *Efeito da endogamia em características de peso e reprodução da raça Tabapuã*. Ribeirão Preto, SP: FMRP, 1990. 102p. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/Universidade de São Paulo, 1990.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte, 1996. 416 p.

PIRCHNER, F. 1983. **Population genetics in animal breeding**. 20.ed. New York: Plenum Press. 414p.

PIRCHNER, F. 1985. Genetic structure of populations.1. Closed populations or matings among related individual. In: Chapman, A.B. **General and quantitative genetics**. Amsterdam: Elsevier. p.227-248.

QUEIROZ, S.A. Efeito da Endogamia sobre Características de crescimento de Bovinos da Raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 29(4):1014-1019, 2000.

REIS FILHO, J.C. **Endogamia na raça Gir**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 49 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

SAS Institute Inc. SAS/STAT® 9.1 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2004.

SAS Institute Inc.; **SAS/STAT® Software**: Changes and enhancements through Release 6.11. Cary, NC: SAS Insitute Inc., 1996. 1104 p.

SHIMBO, M. V.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, F. F. et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: III Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Belo Horizonte, MG, **Anais...**, p. 388-390, 2000.

SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.F.; COBUCCI, J.A. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, n.4, p.1236-1242, 2001.

SOUSA, M.F.; PAIVA, A.L.C.; TEIXEIRA, R.B. et al Endogamia em Linhagens de Codornas Européias.. In: III Simpósio Internacional II Congresso Brasileiro de Coturnicultura, 2007, Lavras-MG.

WRIGHT, S. 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*, 16, 97–159.

WRIGHT, S. 1938. Size of population and breeding structure in relation to evolution. ***Science***, 87:430-431.