

JOSÉ PEREIRA FILHO

**EFEITO DO TAMANHO EFETIVO E DE SISTEMAS DE
ACASALAMENTO NO INCREMENTO DE ENDOGAMIA EM
POPULAÇÕES SOB SELEÇÃO, UTILIZANDO-SE SIMULAÇÃO.**

Tese 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
2005

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

T

P436e
2005

Pereira Filho, José, 1966-

Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação / José Pereira Filho.

– Viçosa : UFV, 2005.

x, 47f. : il. ; 29cm.

Orientador: Ricardo Frederico Euclides.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de

Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 43-47.

1. Animais - Melhoramento genético. 2. Consangüinidade. 3. Acasalamento de animais. 4. Simulação (Computadores). I. Universidade Federal de Viçosa.

II. Título.

CDD 22.ed. 636.0821

JOSÉ PEREIRA FILHO

**EFEITO DO TAMANHO EFETIVO E DE SISTEMAS DE
ACASALAMENTO NO INCREMENTO DE ENDOGAMIA EM
POPULAÇÕES SOB SELEÇÃO, UTILIZANDO-SE SIMULAÇÃO**

Tese 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: 25 de fevereiro de 2005.

Prof. Paulo Sávio Lopes
(Conselheiro)

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Conselheiro)

Prof. José Ivo Ribeiro Júnior

Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Orientador)

“Porque desde a antiguidade não se ouviu,
nem com os ouvidos se percebeu, nem com os olhos se viu
um Deus além de ti que trabalha para aquele que nele espera”.

Isaías 64:4

AGRADECIMENTOS

À DEUS e à JESUS CRISTO toda honra e toda glória.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Departamento de Zootecnia, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento do Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Ricardo Frederico Euclydes, pela orientação, pela confiança e pelos ensinamentos.

Ao professor Robledo de Almeida Torres pelos ensinamentos e pelas sugestões.

Ao professor Paulo Sávio Lopes pelos ensinamentos e pelas sugestões.

Aos professores José Ivo Ribeiro Júnior e Pedro Crescêncio Souza Carneiro, por participarem da banca examinadora e pelas sugestões.

Aos professores Adair José Regazzi e Carlos Roberto de Carvalho, pela confiança e apoio durante as dificuldades nas disciplinas.

Ao Rodolpho de Almeida Torres Filho, pelo apoio fundamental no momento certo.

À Elizângela Emídio Cunha por ter me acompanhado e ajudado na hora da necessidade.

.A todos os colegas da pós-graduação, pela convivência e pelo apoio.

Aos demais professores, funcionários e alunos do Departamento de Zootecnia, pelo companheirismo e pela amizade.

Ao meu sogro “Seu Souza”, pela sandália nordestina de couro tão confortável que tornou menos cansativo o trabalho de escrever sentado na frente do computador.

À minha esposa Patrícia e aos meus filhos Ana Raquel e João Marcos, pelas orações, pelo amor, pelo carinho e motivação nas horas difíceis e também nas fáceis.

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

BIOGRAFIA

JOSÉ PEREIRA FILHO, filho de José Pereira e Maria Angélica Santos Pereira, nasceu em Medeiros Neto, Estado da Bahia, em 23 de novembro de 1966.

Em março de 1993, iniciou o curso de Graduação em Zootecnia, na Universidade Federal de Viçosa – UFV, em Viçosa, MG, concluindo o mesmo em agosto de 1999.

Em fevereiro de 2000, mudou-se para a cidade de Corrente, Extremo Sul do Piauí, onde lecionou nos departamentos de Zootecnia e Biologia da Universidade Estadual do Piauí-UESPI.

Em março de 2003, iniciou o Programa de Pós-Graduação da UFV, em nível de Mestrado em Zootecnia, nas áreas de Genética e Melhoramento Animal. Submetendo-se à banca de defesa de tese em 25 de fevereiro de 2005.

José Pereira Filho é casado com Geana Patrícia e pai de Ana Raquel e João Marcos.

ÍNDICE

Página

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Sistemas de acasalamento e endogamia.....	3
2.2. Tamanho efetivo e seleção.....	9
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	11
3.1. Simulação dos dados	11
3.2. Simulação do genoma	12
3.3. Simulação das populações	12
3.4. Estrutura da população	14
3.5. Tipos de acasalamentos.....	15
3.6. Parâmetros avaliados	16
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	18
4.1. Coeficiente de endogamia média.....	18
4.2. Valor fenotípico médio.....	29
5. CONCLUSÕES	41
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	43

RESUMO

PEREIRA FILHO, José, M.S., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2005. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação.** Orientador: Ricardo Frederico Euclydes. Conselheiros: Paulo Sávio Lopes e Robledo de Almeida Torres.

Dados simulados através do programa GENESYS (EUCLYDES, 1996) foram utilizados com o objetivo de avaliar o efeito de quatro tamanhos efetivos, quatro tipos de acasalamento e dois sistemas de seleção sobre o coeficiente de endogamia após cinco, dez e trinta gerações de seleção. Foi simulado um genoma formado por 30 pares de cromossomos autossômicos com 400 locos quantitativos dialélicos e somente os efeitos aditivos dos genes. Duas populações-base foram criadas com uma única característica quantitativa de herdabilidades 0,10 e 0,50. A partir das populações-base foram obtidas duas populações iniciais que deram origem às populações de seleção. Estas populações foram selecionadas com base na seleção individual (SI) e na melhor predição linear não-viesada (BLUP) e submetidas a quatro tipos de acasalamento: a) reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA); b) exclusão de acasalamentos entre irmãos completos e meio-irmãos (EICMI); c) melhores machos com melhores fêmeas (MMMF); e d) acasalamento compensatório (AC). Os tamanhos efetivos de população utilizados foram (N_e): TE1=30,

TE2=60, TE3=120, e TE4=240 e o número de machos selecionados, por geração, foram (N_m): 10, 20, 40 e 80 e o de fêmeas (N_f): 30, 60, 120 e 240, que correspondem, respectivamente, aos tamanhos efetivos. Para todas as populações selecionadas o valor de razão sexual ($d=N_f/N_m$) foi igual a 3 e as intensidades de seleção foram de $i_m=1,51$ para os machos e de $i_f=0,80$ para as fêmeas. Cada fêmea produziu quatro descendentes, totalizando 120, 240, 480 e 960 indivíduos por geração. O processo de seleção foi simulado por 30 gerações consecutivas e para diminuir os efeitos da oscilação genética foram feitas 20 repetições por geração. O coeficiente de endogamia média, os valores fenotípicos médios e a eficiência do BLUP foram os parâmetros genéticos avaliados. O BLUP foi o método de seleção que levou a maiores ganhos genéticos sendo também o que apresentou os maiores coeficientes de endogamia média. A eficiência do BLUP foi superior a da seleção individual, principalmente na herdabilidade baixa ($h^2=0,10$). O tamanho efetivo da população foi o fator que mais influenciou o coeficiente de endogamia, onde os incrementos de endogamia diminuíram à medida que o tamanho aumentou, atingido os menores valores nas populações de tamanho efetivo $N_e=240$, após 30 gerações de seleção. O sistema de acasalamento de melhores machos com melhores fêmeas (MMMF) 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 (RAA) e logo após pelo sistema que exclui o acasalamento entre irmãos completos e meio-irmãos (EICMI). O sistema de acasalamento compensatório (AC) foi o que se mostrou mais eficiente em evitar o aumento do coeficiente de endogamia média, principalmente utilizando a metodologia do BLUP na característica de alta herdabilidade ($h^2=0,50$), apresentando pequena diminuição no valor fenotípico médio em relação aos outros sistemas de acasalamento.

ABSTRACT

PEREIRA FILHO, José, M.S., Universidade Federal de Viçosa, February 2005.
Effect of the effective size and mating systems on the increasing of inbreeding on populations under selection, using simulation. Adviser: Ricardo Frederico Euclides. Committee members: Paulo Sávio Lopes and Robledo de Almeida Torres.

Data simulated through the GENESYS program (EUCLYDES, 1996) were used in order to evaluate the effect of four effective sizes, four kinds of mating, and two selection systems on the Inbreeding coefficient after five, ten and thirty selection generations. It was simulated a genome with 30 pairs of autosomic chromosomes with 400 diallelic quantitative loci and only the additive effects of genes. Two base-populations were created with a single quantitative characteristic with heritabilities, 0,10 and 0,50. From these base-populations, two initial populations were obtained, which originated the selection populations. These populations were selected based on the individual selection (SI) and on the best linear unbiased prediction (BLUP) and submitted to four kinds of mating: a) reproducers were randomly mated (RAA); b) exclusion of mating between full sibs and half-sibs (EICMI); c) the best males with the best females (MMMF); and d) compensatory mating (AC). The effective sizes of populations used were (N_e): TE1=30, TE2=60, TE3=120, and TE4=240 and the numbers of males selected, per generation, were (N_m): 10, 20, 40 and 80, while the

numbers of females were (N_f): 30, 60, 120 and 240, which correspond, effectively, to the effective sizes. For all populations selected, the value of the sexual ratio ($d=N_f/N_m$) was 3 and the intensities of selection were $i_m=1,51$ for the males and $i_f=0,80$ for the females. Each female had four descendents, totalizing 120, 240, 480 and 960 individuals per generation. The process of selection was simulated for 30 consecutive generations and, in order to minimize the effects of the genetic oscillation, 20 repetitions were performed, per generation. The average inbreeding coefficient, the average phenotypic values and the BLUP efficiency were the genetic parameters evaluated. The BLUP was the selection method which obtained the highest genetic gains and presented the highest average inbreeding coefficients. The BLUP efficiency was higher than the efficiency of the individual selection, mainly in the low heritability ($h^2=0,10$). The population effective size was the most influential factor for the inbreeding coefficient, in which the inbreeding increments decreased as size increased, with the smallest values obtained in the populations with the effective size $N_e=240$, after 30 selection generations. The mating system of the best males with the best females (MMMMF) presented the highest values of average inbreeding after 30 selection generations by BLUP, followed by the system of randomly mated reproducers (RAA), after which came the system which does not allow mating between full sibs and half-sibs (EICMI). The compensatory mating system (AC) was the most efficient in avoiding the increase of average inbreeding populations, mainly using the BLUP methodology in the high heritability characteristic ($h^2=0,50$), presenting a small decrease in the average phenotypic value, compared to the other mating systems.

1. INTRODUÇÃO

O objetivo do melhoramento animal é aumentar o ganho genético nas características de interesse econômico e para atingir tal objetivo lança-se mão de algumas ferramentas. Dentre estas, a seleção artificial, as estratégias de acasalamento e o tamanho da população são consideradas de fundamental importância.

Quando o objetivo é aumentar o ganho genético em curto período de tempo, avanços nas estratégias de melhoramento são utilizadas, porém estas estratégias também podem aumentar rapidamente as taxas de endogamia a níveis não desejados. Dentre estes avanços estão as avaliações que consideram informações de parentes (BLUP utilizando o modelo animal), a elevação das taxas reprodutivas das fêmeas (por exemplo, a transferência de embriões), e a seleção de animais muito jovens utilizando informações de *pedigree* ao invés da informação da progênie.

Desta maneira, o objetivo do programa de melhoramento genético não deveria ser somente o de obter a maior resposta possível sob menores intervalos de tempo, mas também o de otimizar o ganho genético e a endogamia a fim de obter a melhor resposta ao longo das gerações. Por isso, um horizonte maior de tempo é de interesse do programa, ao invés de apenas as próximas duas gerações, por exemplo (BRISBANE e GIBSON, 1995).

O tamanho efetivo da população é um dos aspectos que mais tem influência sobre a 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.

A endogamia é um processo difícil de ser evitado em populações fechadas, particularmente naquelas que estão sendo selecionadas para uma única característica.

A discussão sobre a minimização da endogamia geralmente está voltada para núcleos populacionais pequenos, quer sejam rebanhos fechados de suínos ou populações pequenas de bovinos em que se adotam MOET (Ovulação múltipla e transferência de embriões), onde os riscos de perdas devidas à endogamia seriam elevados. Porém, considerando que a estimativa obtida por FARIA (2002) para o tamanho efetivo populacional de animais da raça Nelore, registrados na ABCZ, que decresceu de 877 para 34 em um intervalo de 20 anos, e que a raça Nelore é responsável pela maioria do plantel de animais de corte da pecuária nacional, a adoção de estratégias que visam otimizar o ganho genético e a endogamia se faz necessária não só em rebanhos fechados, mas também em populações abertas e de grande porte.

A simulação de dados, através de computadores, permite que se obtenham predições de avaliações genéticas de forma rápida e com custos muito mais baixos em comparação a experimentos envolvendo estruturas físicas e animais, o que torna a simulação uma ferramenta de grande valor para o melhoramento genético animal.

Assim, os objetivos deste trabalho foram:

- 1) Estudar o efeito de quatro sistemas de acasalamento e de quatro tamanhos efetivos de população sobre o incremento de endogamia em populações submetidas à seleção pelo BLUP e seleção individual.

- 2) Avaliar a resposta à seleção em diferentes estruturas de população, métodos de seleção e herdabilidades.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Sistemas de Acasalamento e Endogamia

Segundo (HARTL, 1988) os tipos de acasalamento definem, em parte, as frequências genotípicas de uma população, sem alterar, contudo, as frequências alélicas.

Nos programas de melhoramento genético, 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, 1995).

Diferentes métodos têm sido propostos para reduzir as taxas de endogamia em populações submetidas à seleção. Dentre estes métodos está a utilização de sistemas de acasalamento não aleatórios.

Entre os diferentes sistemas de acasalamento, o método de acasalamento ao acaso é um dos mais simples entre os que têm sido utilizados, e consiste na alocação aleatória dos machos e fêmeas selecionados, ou seja, o acasalamento ocorre ao acaso em relação aos genótipos existentes, sendo que a probabilidade de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à frequência do genótipo na população.

De acordo com FALCONER e MACKAY (1996) a principal consequência causada pela endogamia é o fenômeno conhecido como depressão endogâmica, que se caracteriza pela redução do valor médio fenotípico, mostrado pelos caracteres relacionados com a capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica.

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.

Com a competição entre esquemas rivais de melhoramento, a continuidade da lucratividade de um esquema individual requer elevada performance econômica sob seu estoque genético a todo tempo. Assim um horizonte maior de tempo é de interesse do programa, ao invés de apenas as próximas duas gerações, por exemplo, (BRISBANE e GIBSON, 1995). Desta maneira, o objetivo do programa de melhoramento genético não é somente o de obter a maior resposta possível sob menores intervalos de tempo, mas também o de otimizar o ganho genético e a endogamia a fim de obter a melhor resposta ao longo das gerações.

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. Estes métodos assumem várias estratégias de seleção e de acasalamento, ou ambas simultaneamente. Segundo SCHAEFFER et al (2001), os diferentes métodos poderiam ser divididos em duas filosofias de trabalho: uma consiste em evitar a endogamia, que poderia ocorrer após os valores genéticos terem sido calculados por um modelo linear apropriado, através da seleção de estratégias de acasalamentos; a outra consiste em obter estimativas dos valores genéticos ajustadas para endogamia, assim se resultaria em seleções e acasalamentos baseados em valores genéticos ajustados, que diminuiria automaticamente a taxa de endogamia.

Wright (1921), citado por CABALLERO et al. (1996) foi o primeiro a definir um sistema regular de acasalamento o qual consistia em evitar ao

máximo o acasalamento entre parentes, tanto quanto possível, buscando assim, evitar, também ao máximo, a endogamia.

CABALLERO et al. (1996), WANG (1997), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002) e BREDÁ (2003), avaliaram sistemas de simples implantação, que consistem em evitar o acasalamento entre irmãos completos, meios-irmãos, ou ambos. CUNHA (2001) também avaliou sistemas de acasalamentos preferenciais entre irmãos completos e meios-irmãos. Segundo WANG (1997) a importância da exclusão de acasalamento entre meio-irmãos, entre irmãos completos, ou de ambos, depende da razão sexual adotada no programa de seleção: Com a diminuição da razão sexual ocorre diminuição da importância do acasalamento entre meio-irmãos e aumento da importância do acasalamento entre irmãos completos.

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 fêmea j , sendo impostas as seguintes restrições: $x_{ij}=0$ ou 1 ; $\sum_{i=1}^{N_m} x_{ij} = 1$; $\sum_{j=1}^{N_f} x_{ij} = N_f / N_m$.

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, seqüencialmente. Na situação em que ocorra número diferente de pais machos e fêmeas, os animais podem ser ordenados de acordo com a soma do número 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.

Tanto o acasalamento compensatório quanto o de coancestralidade mínima reduzem a variância da contribuição, em longo prazo, dos ancestrais

para os descendentes, através da redução do efeito acumulativo da seleção e aumento dos desvios das proporções de Hardy-Weinberg (através de diferentes extensões). Contudo, existe uma diferença fundamental entre os princípios dos dois sistemas. O acasalamento compensatório é baseado na idéia de cancelar o processo acumulativo da perda devida ao fato de todas novas famílias serem idênticas a respeito da contribuição total de seus ancestrais (SANTIAGO e CABALLERO , 1995). Já a coancestralidade mínima, ao contrário, é baseada na escolha de pais menos aparentados utilizando informações do pedigree.

WANG (1997) estudaram os efeitos da exclusão de acasalamentos entre irmãos completos, entre meios-irmãos, ou de ambos, sob o coeficiente de endogamia em populações finitas submetidas à seleção aleatória (os indivíduos são selecionados sem considerar a origem familiar) ou a seleção de tamanho de família igual (um macho da progênie de cada reprodutor é selecionado, e semelhantemente uma fêmea da progênie de cada matriz é selecionada). Eles observaram que sob seleção aleatória a exclusão de acasalamentos entre irmãos proporcionou menores coeficientes de endogamia ao longo das gerações. Já sob seleção de tamanho de família igual, a exclusão de acasalamentos entre irmãos proporcionou apenas uma pequena redução nas primeiras gerações e podendo resultar, eventualmente, em maior endogamia nas gerações futuras comparando-se com o acasalamento ao acaso.

CABALLERO et al. (1996), ao utilizarem dados simulados, concluíram que o acasalamento compensatório foi geralmente mais eficiente na redução da taxa de endogamia nas situações sem extremos valores de endogamia, como na seleção pelo fenótipo, ou populações numerosas (mais de 50 pais). Contudo, em situações com alta endogamia, como na seleção por BLUP, baixa herdabilidade e reduzido tamanho populacional, os acasalamentos de mínima coancestralidade ou o de evitar acasalamento entre irmãos, foram mais eficientes.

Utilizando informações de uma pequena população (8 reprodutores e 8 matrizes) selecionada por cinco gerações, TORO e PÉREZ-ENCIZO (1990) compararam o método de acasalamento de mínima coancestralidade com o de acasalamento ao acaso e observaram que a redução na endogamia causada pelo acasalamento de mínima coancestralidade, seria reflexo do atraso de uma

geração no aparecimento da endogamia (na geração 1, $F=0$). Contrariando esta idéia CABALLERO et al. (1996) destacaram que a redução na endogamia causada pelo acasalamento de mínima coancestralidade deve-se também à redução proporcional da taxa de endogamia. Assim, os autores destacaram que evitando acasalamentos endogâmicos têm-se, conseqüentemente, efeitos acumulativos e permanentes na redução da endogamia em populações submetidos à seleção.

Utilizando dados simulados em nível de gene, CUNHA (2001) avaliou os efeitos de diferentes sistemas de acasalamento sobre os valores fenotípicos médios e a consangüinidade média em populações selecionadas por critério de seleção individual ou baseadas no BLUP por 50 gerações, com diferentes valores de razão sexual. Os sistemas de acasalamento avaliados foram o de preferenciais de meio-irmãos e irmãos completos, o de preferenciais de meio-irmãos, o de acasalamento ao acaso, o de exclusão de acasalamento entre irmãos completos e o de exclusão de acasalamento entre meio-irmãos e irmãos completos. A autora concluiu que os sistemas que excluíram o acasalamento entre irmãos apresentaram os melhores resultados quanto aos valores fenotípicos e exerceram controle mais efetivo sobre o aumento da consangüinidade, os sistemas preferindo o acasalamento entre irmãos apresentaram os piores resultados e o acasalamento ao acaso apresentou resultados intermediários.

Ainda, de acordo com CUNHA (2001), à medida que a razão sexual aumentou observou-se menor separação entre os tipos de acasalamento e redução no número de gerações para se atingir os valores fenotípicos de estabilização. Este comportamento pode estar associado ao decréscimo observado no tamanho efetivo populacional, que se tornou, assim, o fator mais importante em limitar a resposta à seleção.

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

Os sistemas citados assumem que os animais selecionados são os de maiores performances e, conseqüentemente, supõe-se que as taxas de

respostas são pouco afetadas pelos sistemas de acasalamento. Contudo, estes sistemas implicam em certo fator negativo associado ao tipo de acasalamento, o qual tende a reduzir ligeiramente a variância genética e a resposta à seleção em curto período de tempo (Crow e Kimura, 1970, citados por CABALLERO et al., 1996). 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).

Quanto ao critério de comparação entre as diferentes estratégias ainda não há um consenso, Wray e Smith (1990) citados por QUINTON et al. (1992) sugeriram que a comparação da resposta sob um mesmo nível de endogamia (moderado) por ano fornece uma maneira direta e usual para comparar os métodos adotados em programas de melhoramento. De acordo com QUINTON et al. (1992) as comparações entre os diferentes métodos de seleção têm sido realizadas com o mesmo número de animais testados, de pais e estrutura de acasalamento sob um dado nível de endogamia aceitável (baixo), porém, a utilização de informação de família através do BLUP resulta maior parentesco entre os indivíduos selecionados, e conseqüentemente os níveis de endogamia podem aumentar bastante, quebrando a restrição inicial.

Um outro critério possível para balancear a resposta genética e a endogamia seria a razão entre a resposta à seleção e a endogamia, entretanto, QUINTON et al. (1992) observaram que este sistema não foi eficiente, nas condições avaliadas pelos autores, uma vez que as razões máximas encontradas correspondiam a valores baixos de respostas, como também baixa endogamia.

De uma forma geral, a comparação entre alternativas para otimizar o ganho genético e a endogamia tem sido realizada sob a resposta à seleção alcançada, incremento de endogamia, e redução da variância genética, como também a resposta genética sob restrição no incremento de endogamia.

2.2. Tamanho efetivo e seleção

Segundo CABALLERO (1994), o tamanho efetivo da população é um parâmetro chave no processo evolutivo e na genética quantitativa, pois fornece uma medida da taxa de oscilação genética e da consangüinidade de uma população

De acordo com FALCONER (1981), SILVA (1993) e CABALLERO (1994), várias situações podem reduzir o tamanho efetivo das populações, entre eles podemos citar: números diferentes de machos e fêmeas por geração, número desigual de indivíduos em gerações sucessivas e distribuição não ao acaso do tamanho da família.

Segundo Quinton et al. (1994), citado por QUINTON e SMITH (1995), apenas o aumento do número de machos selecionados, o que implica em aumento do tamanho efetivo da população (N_e), já seria suficiente para alterar as respostas aos diferentes métodos de seleção propostos.

Nos trabalhos de FARIA et al. (2001 a, b, c, d, e, f, g), nos quais calculou o tamanho efetivo nas principais raças zebuínas brasileiras, verifica-se que os tamanhos efetivos dessas populações sofrem uma significativa redução, em consequência da baixa quantidade de reprodutores utilizados, o que resulta no aumento da variância do número de progênie por reprodutor. Na raça Nelore, pode-se observar que o tamanho efetivo da população nos períodos de 1979-83, 1984-88, 1989-93 e 1994-98, foi, respectivamente, $N_e = 877, 162, 71$ e 34 . Como pode ser observado o N_e para o último período é pequeno, o que pode levar a reduções no ganho.

A redução do tamanho efetivo pode ser consequência de fatores como, desvios da razão de sexos de 1:1, flutuações no tamanho populacional e a diferenças no sucesso reprodutivo, representado através do aumento da variância do número de progênies.

GODDARD e SMITH (1990) recomendam um tamanho efetivo mínimo de 40 por geração para maximizar o retorno econômico enquanto que

MEUWISSEN e WOOLLIANS (1994) recomendam valores entre 30 e 250 para prevenir decréscimos no valor adaptativo.

VERRIER et al. (1993), usando simulação para verificar os efeitos da seleção a longo prazo, em pequenas populações submetidas à seleção pelo valor genético obtido pelo BLUP, com modelo animal, observaram que nas populações de pequeno tamanho, o efeito da oscilação foi maior e a variância genética decresceu rapidamente. Em contraste, em populações de tamanho maior, o efeito da oscilação não foi tão grande e a variância genética manteve-se substancialmente.

SIEGEL e DUNNINGTON (1997) defendem que, o tamanho efetivo das populações e a intensidade de seleção, não somente influenciam a taxa de mudança nas características sob seleção e correlacionadas, mas também influenciam o tempo para se alcançar o limite de seleção. Limites podem ocorrer como consequência de perdas ou fixação de alelos.

EISEN (1975) apresenta que a resposta à seleção aumenta com o incremento do tamanho efetivo (N_e). Sendo que, a diferença na resposta à seleção, entre as linhas com diferentes N_e , para uma dada intensidade de seleção, pode ser devido à depressão endogâmica e uma combinação de interações entre oscilação e seleção. Segundo este autor a depressão endogâmica e a oscilação genética foram igualmente importantes para descrever as diferenças de N_e entre as linhas, na resposta total à seleção.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Simulação dos dados

Para a simulação dos dados, utilizou-se o programa de simulação GENESYS (versão 2004), desenvolvido por EUCLYDES (1996). O programa GENESYS é composto por 14 programas elaborados para o compilador FORTRAN e faz uso do modelo em nível de gene que simula os cromossomos com todos os genes, individualmente, à semelhança de um genoma real. O GENESYS apresenta condições de se trabalhar com até três características simultaneamente, permitindo estabelecer desde interações não-aditivas entre genes para uma particular característica, como também correlações entre características. O programa é capaz de simular genomas de grande complexidade, que possibilitam a avaliação de métodos de seleção, testar pressuposições matemáticas, novas metodologias de seleção, sistemas de acasalamentos e variadas combinações entre todos estes fatores.

3.2. Simulação do genoma

O genoma simulado constituiu-se de 400 locos quantitativos dialélicos distribuídos ao acaso em 30 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios, porém de comprimento total de 3000 centimorgans. Não foram simulados cromossomos sexuais. Os efeitos aditivos dos genes seguiram a distribuição normal e não foram permitidas interações do tipo não-aditivas entre os genes. As frequências gênicas iniciais em ambos os sexos foram iguais. Admitiu-se dois efeitos fixos, sendo um com 4 e outro com 10 classes ou níveis. Os efeitos de ambiente não controláveis foram simulados segundo a distribuição normal e uma variância que originasse as herdabilidades em estudo foram admitidas. As frequências iniciais dos locos quantitativos foram simuladas com distribuição uniforme e um valor inicial médio de 0,50.

Simulou-se duas características quantitativas com média igual a 305 unidades fenotípicas e variância genética aditiva igual a 250, sendo uma com herdabilidade $h^2 = 0,10$ e a outra com herdabilidade $h^2=0,50$.

3.3. Simulação das populações

População-base

Foram simuladas duas populações-base. Uma para o estudo da característica de herdabilidade $h^2=0,10$ e outra para o estudo da característica com herdabilidade $h^2=0,50$. As populações se constituíram de um total de 3000 indivíduos sendo 1500 machos e 1500 fêmeas. Os procedimentos para a criação desta população foram completamente aleatórios por isso o parentesco foi considerado inexistente.

População inicial

A partir da população-base, foi simulada uma população inicial ou população da geração zero, marcando-se o início dos laços de parentesco entre os indivíduos. Em sua formação, foram escolhidos ao acaso, e da mesma forma acasalados, 180 machos e 720 fêmeas, sendo produzidos quatro descendentes por casal, o que resultou numa população de 2880 animais com tamanho efetivo $N_e=576$.

Nesta etapa, os reprodutores produziram gametas por meio de um processo denominado “caminhada cromossômica” (EUCLYDES, 1996), o qual consiste em iniciar a formação de gametas a partir da extremidade de cada cromossomo, com a ocorrência de “crossing-over”. Nesse processo é simulada a gametogênese à semelhança do que ocorre nos animais, considerando-se então as segregações mendelianas. Terminada a gametogênese, iniciava-se a zigotogênese.

Populações submetidas à seleção

As populações de seleção foram formadas a partir da população inicial. A seleção foi baseada na seleção individual (SI) e no melhor preditor linear não-viesado BLUP (Best Linear Unbiased Predictor), usando-se modelo animal, considerando-se as informações de *pedigree* dos indivíduos das três últimas gerações, armazenadas na matriz de parentesco. No modelo estatístico foram considerados dois efeitos fixos, sendo um com 4 e outro com 10 classes, e também os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

Trinta gerações de seleção foram conduzidas, com 20 repetições por geração, com o objetivo de reduzir os efeitos da oscilação genética ou flutuação gênica, segundo CARNEIRO (2002).

O tamanho das populações selecionadas foi de 120, 240, 480 e 960 indivíduos por geração, relativos aos tamanhos efetivos $TE_1=30$, $TE_2=60$, $TE_3=120$ e $TE_4=240$, respectivamente, correspondendo a quatro filhos por casal, por geração.

3.4-Estrutura das populações

O esquema de acasalamento hierárquico foi escolhido para a formação dos pais selecionados, o qual consiste em acasalar um único macho com mais de uma fêmea.

As populações foram formadas de acordo com o tamanho efetivo e o sistema de acasalamento, conforme mostra os quadros 1 e 2 a seguir:

Quadro 1 - Estrutura das populações

Sistema de acasalamento	Tamanho Efetivo			
	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	TE1-RAA	TE2-RAA	TE3-RAA	TE4-RAA
MMMF	TE1-MMMF	TE2-MMMF	TE3-MMMF	TE4-MMMF
EICMI	TE1-EICMI	TE2-EICMI	TE3-EICMI	TE4-EICMI
AC	TE1-AC	TE2-AC	TE3-AC	TE4-AC

TE1=Tamanho efetivo 1 ($N_e=30$); TE2=Tamanho efetivo 2 ($N_e=60$); TE3=Tamanho efetivo 3 ($N_e=120$); TE4=Tamanho efetivo 4 ($N_e=240$); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 2 – Parâmetros das populações

Tamanhos efetivos	N_m	N_f	d	P_m	i_m	P_f	i_f	N_e
TE1	10	30	3	0,1667	1,51	0,50	0,80	30,00
TE2	20	60	3	0,1667	1,51	0,50	0,80	60,00
TE3	40	120	3	0,1667	1,51	0,50	0,80	120,00
TE4	80	240	3	0,1667	1,51	0,50	0,80	240,00

N_m =Número de machos selecionados; N_f =Número de fêmeas selecionadas; d=Razão sexual (N_f / N_m); P_m =Proporção de machos selecionados; i_m =Intensidade de seleção dos machos; P_f =Proporção de fêmeas selecionadas; i_f =Intensidade de seleção das fêmeas; N_e =Tamanho efetivo da população.

Considerando-se o número total de indivíduos da população, a cada geração, as proporções de machos e de fêmeas selecionados foram, respectivamente, de: $p_m = \frac{1}{\frac{1}{2}n_o d}$ e $p_f = \frac{1}{\frac{1}{2}n_o}$ (BIJMA e WOOLLIAMS, 2000),

em que d representa o valor de razão sexual e n_o o número de filhos por casal, por geração.

Para cada valor de d , considerando-se os respectivos números de machos e de fêmeas selecionados, calculou-se o tamanho efetivo de população, segundo a fórmula proposta por Wright (1931), citada por FALCONER (1987): $\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4N_m} + \frac{1}{4N_f}$.

3.5. Tipos de acasalamento

Foram utilizados para a formação dos casais selecionados, quatro tipos ou sistemas de acasalamento, sendo um aleatório e três não-aleatórios, que são apresentados a seguir:

1. Reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA). Que consiste na alocação aleatória de machos e fêmeas selecionados.
2. Melhores machos com melhores fêmeas (MMMF). Que consiste no acasalamento dos machos melhor classificados com as fêmeas de melhores classificações, de acordo com seus valores genéticos, sequencialmente, dentro da população selecionada. Neste tipo de acasalamento não há a preocupação de se evitar acasalamentos aparentados.
3. Exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI). Que consiste em se evitar o acasalamento entre irmãos completos e entre meio-irmãos.

4. Acasalamento compensatório (AC). Que consiste em se acasalar os machos com a classificação mais alta no ranking com fêmeas com as classificações mais baixas, sequencialmente, dentro da população selecionada.

3.6. Parâmetros avaliados

Os parâmetros utilizados para a comparação de todas as combinações de herdabilidades, métodos de seleção, tamanhos efetivos da população e tipos de acasalamentos foram os seguintes: endogamia média, valor fenotípico médio e eficiência do BLUP em relação a seleção individual. Esses parâmetros, entre outros, estão descritos mais detalhadamente pelos autores a seguir, EUCLYDES (1996), CARNEIRO (1998), CARNEIRO (1999), FONSECA (1999), CORRÊA (2001) e CUNHA (2001).

Endogamia média

O coeficiente de endogamia individual (Wright, 1922) foi calculado a cada geração utilizando-se o método de MEUWISSEN e LUO (1992), que considera todo o *pedigree* de cada indivíduo.

Valor fenotípico médio

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 .

Em cada geração, foi obtido o valor fenotípico médio a partir da fórmula

$\bar{P} = \frac{\sum_{i=1}^n P_i}{n}$, em que n é o número total de indivíduos na população, a cada geração.

Eficiência do BLUP

A metodologia BLUP também foi avaliada pela sua eficiência em relação a seleção individual (S.I.) após 5, 10 e 30 gerações de seleção. A eficiência foi calculada através da seguinte fórmula:

$$E_{BLUP(t)} = \frac{\Delta G_{BLUP}}{\Delta G_{SI}}$$

onde: $E_{BLUP(t)}$ representa a eficiência do BLUP em relação à S.I. até a geração t que no caso foram 5, 10 ou 30; ΔG_{BLUP} e ΔG_{SI} é o ganho genético obtido pelo BLUP e S.I., respectivamente. Os ganhos genéticos (ΔG_{BLUP} e ΔG_{SI}) foram calculados pelas diferenças entre os valores fenotípicos obtidos entre as gerações 5 e 0 (até a 5ª geração), entre as gerações 10 e 0 (até a 10ª geração) e entre as gerações 30 e 0 (até a 30ª geração).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1- Coeficiente de endogamia média

Nas Figuras 1, 2, 3, 4 e Quadros 3, 4, 5, 6 são apresentados os coeficientes de endogamia média resultantes da seleção praticada no decorrer de 30 gerações sob utilização da seleção individual (SI) e do BLUP.

Quatro tamanhos efetivos de população foram utilizados, TE1=30,00, TE2=60,00, TE3=120,00 e TE4=240,00 e também quatro sistemas de acasalamento: reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC). Ainda duas herdabilidades para a característica considerada foram usadas, sendo uma baixa ($h^2=0,10$) e outra alta ($h^2=0,50$).

Observou-se aumentos constantes nos valores da endogamia média, no decorrer das trinta gerações de seleção, para todas as combinações de métodos de seleção, tamanhos efetivos, sistemas de acasalamento e herdabilidades.

Contudo as taxas de aumento e os valores da endogamia média foram menores para a seleção individual (SI) e maiores para o BLUP, separando nitidamente os dois métodos de seleção em dois grupos distintos, independentemente do sistema de acasalamento, tamanho efetivo e

herdabilidade (Figuras 1 a 4). EUCLYDES (1996), CARNEIRO (1998), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002) e BREDÁ (2003) verificaram que, para a seleção utilizando os valores genéticos obtidos pelo BLUP, as taxas e valores de endogamia foram mais elevados do que as obtidas pela seleção individual.

Este era um resultado plausível pelo fato dos métodos que utilizam a metodologia de modelos mistos e informações de família, como o BLUP, resultarem em maiores taxas de endogamia que a SI em virtude destes métodos conduzirem à seleção de indivíduos cada vez mais aparentados BELONSKY e KENNEDY (1988), KUHLLERS e KENNEDY (1992), QUINTON et al. (1992), JEYARUBAN et al. (1995), QUINTON e SMITH (1995) e MUIR (2000).

Quando se comparou as herdabilidades verificou-se que o coeficiente de endogamia média foi maior na herdabilidade alta ($h^2=0,50$) do que na herdabilidade baixa ($h^2=0,10$), para todas as combinações, tanto para o BLUP quanto para a seleção individual (SI), mas as diferenças foram muito menores para a SI.

Contudo, quando a comparação foi feita para as duas herdabilidades dentro do BLUP verificou-se duas exceções.

A primeira foi o fato de todos os sistemas de acasalamento no tamanho efetivo um ($TE1=30$), apresentarem maiores valores de coeficiente de endogamia médio na herdabilidade baixa ($h^2=0,10$), com exceção de reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) e melhores machos com melhores fêmeas (MMMMF) na 30ª geração (Quadros 3 e 4). Segundo CARNEIRO (2002), a grande oscilação genética que ocorre em populações de pequeno tamanho pode ser a responsável pela obtenção de resultados completamente diferentes, mesmo utilizando-se material genético idêntico e que todos os demais procedimentos sejam semelhantes. A ocorrência desta exceção demonstra que o tamanho efetivo ($TE1=30$) foi o fator que mais influenciou o coeficiente de endogamia. De acordo com FALCONER (1987), em uma população de pequeno tamanho, os pais selecionados para acasalamento serão mais aparentados do que em populações de grande tamanho, sendo, então, o tamanho efetivo da população o fator que mais influencia o grau de parentesco, principalmente sob o sistema de acasalamento aleatório.

E a segunda exceção, e que é notável, refere-se ao sistema de acasalamento compensatório (AC), que comportou-se de maneira contrária a todos os demais sistemas de acasalamento, apresentando menores valores de endogamia média na herdabilidade alta $h^2=0,50$, até a quinta (5ª), décima (10ª) e trigésima (30ª) gerações de seleção, para todos quatro tamanhos efetivos (Quadros 3 e 4). Este comportamento está ligado, provavelmente, ao fato de a avaliação de características com baixa herdabilidade serem mais influenciadas pelas médias dos pais, com a utilização das informações obtidas da matriz de parentesco, quando a seleção é praticada com base nas estimativas dos valores genéticos obtidos pelo BLUP. Com a utilização de herdabilidades mais altas, maior peso é dado à informação do próprio indivíduo e menor peso é atribuído a informação dos pais e da progênie (WU e SCHAEFFER, 2000).

Esse comportamento contrário do sistema de acasalamento compensatório também pode estar relacionado ao esquema de formação dos casais praticado por esse método, que é o de acasalar os melhores machos classificados no ranking com as fêmeas de menor classificação, sequencialmente, dentro da população selecionada. Esta característica do acasalamento compensatório pode evitar a formação de pares mais consanguíneos ou aparentados. Segundo CABALLERO et al., 1996 e QUEIROZ et al., 2000, indivíduos aparentados apresentam valores genéticos próximos.

Resultados obtidos por GRUNDY et al. (1994), utilizando um sistema que conjuga valores superestimados de herdabilidade com a aplicação das regras do acasalamento compensatório sobre os animais selecionados, na seleção por BLUP e adotando o modelo animal, apresentaram maiores reduções na taxa de endogamia do que os sistemas que adotaram apenas um dos métodos isoladamente. A utilização apenas de valores superestimados de h^2 promoveu reduções na taxa de endogamia em torno 25%, a aplicação de acasalamento compensatório, em torno de 15%, e a utilização conjunta dos métodos em torno de 40%. Os autores ressaltaram que a utilização de estimativas viesadas reduz a variância do tamanho da família enquanto sistemas de acasalamento reduzem o efeito acumulativo da seleção sobre perda gênica ao longo das gerações, então os métodos são complementares.

Comparando-se os quatro diferentes sistemas de acasalamentos, (RAA), (EICMI), (MMMF) e (AC), observou-se que dentro da seleção individual os valores foram semelhantes para todos eles. Entretanto, na herdabilidade alta, $h^2=0,50$, os valores foram ligeiramente mais altos (Quadros 3 e 4). Para o BLUP houve nítida diferenciação entre os sistemas de acasalamentos (Figuras 1 a 4). Os sistemas de reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) e o de acasalamento dos melhores machos com as melhores fêmeas (MMMF) foram os que levaram a maiores valores de endogamia sendo que neste último os coeficientes foram ainda mais altos. Os sistemas de acasalamento excluindo irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e de acasalamento compensatório (AC) foram os que apresentaram os menores coeficientes de endogamia. Resultados de trabalhos mostram que evitar acasalamento entre parentes pode diminuir a endogamia, como os de TORO e PÉREZ-ENCISO (1990), LEITCH et al. (1994), CABALLERO et al. (1996), WANG (1997), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002) e BREDA (2003).

Porém, é importante destacar que, neste trabalho, o acasalamento compensatório foi o mais eficiente em conter o aumento da endogamia, utilizando-se o BLUP, principalmente na herdabilidade alta ($h^2=0,50$), (Quadros 3 e 4).

Em relação aos tamanhos efetivos, verificou-se que os valores do coeficiente de endogamia média decresceu do menor tamanho efetivo ($TE1=30$) para o maior tamanho efetivo ($TE4=240$) para todas as herdabilidades, métodos de seleção e sistemas de acasalamento (Figuras 1 a 4 e Quadros 3 e 4).

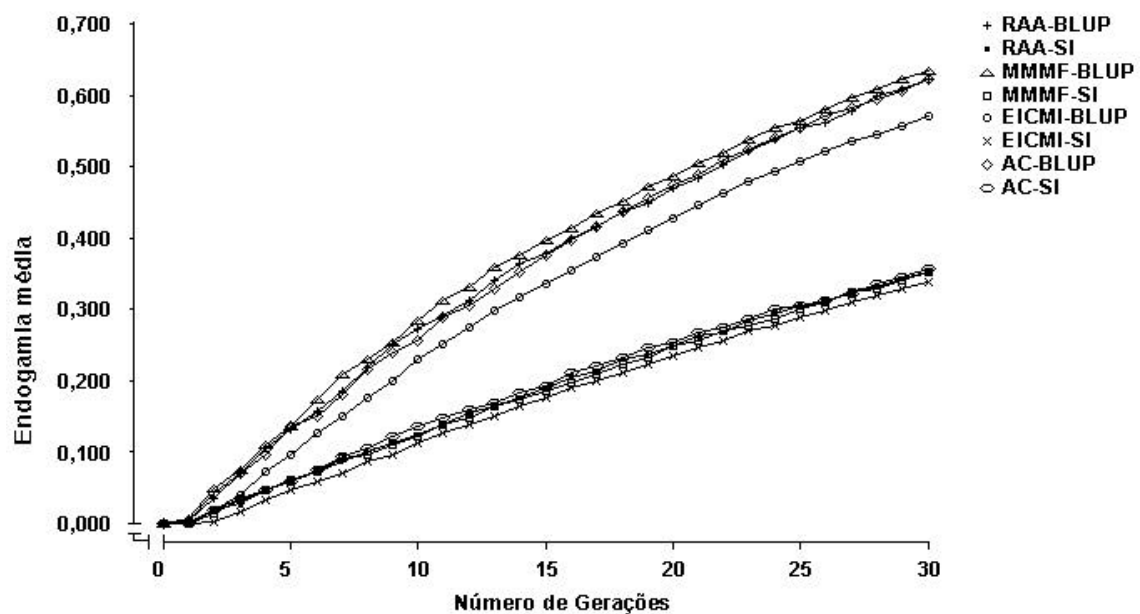
As quadros 5 e 6 mostram as diferenças entre o tamanho efetivo um ($TE1=30$) e os demais tamanhos efetivos. Os valores do coeficiente de endogamia com a utilização do acasalamento compensatório (AC) com BLUP e $h^2=0,10$ (tabela 3), alcançaram uma redução de 59,4%, 78,2%, 88% na 5ª geração, de 52,2%, 74,1%, 86,7% na 10ª geração e de 45,5%, 69,3%, 83,5% na 30ª geração, para os tamanhos efetivos $TE2=60$, $TE3=120$ e $TE4=240$, respectivamente. Observa-se que as diferenças decrescem no decorrer das gerações sendo menor ao final da 30ª geração de seleção.

Entretanto, comparando-se o método de seleção individual (SI) não se verificou grandes diferenças entre os quatro sistemas de acasalamento, quanto

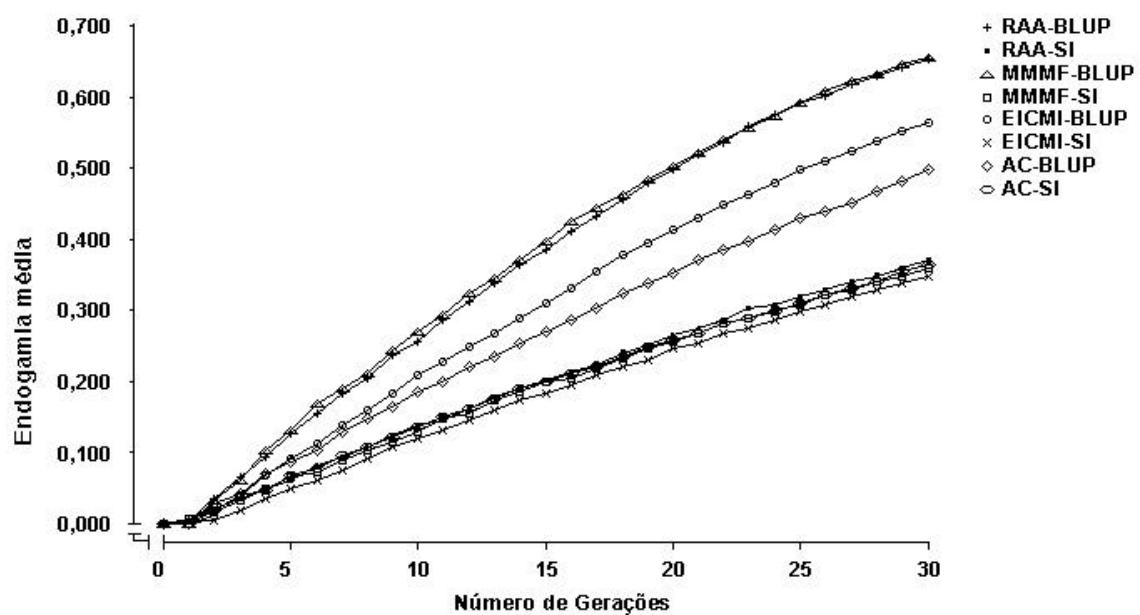
aos tamanhos efetivos, e entre as duas herdabilidades, porém com o aumento dos tamanhos efetivos as reduções foram maiores do que as verificadas para o BLUP (quadros 5 e 6).

MIGLIOR et al. (1992), trabalhando com gado bovino leiteiro, sugeriram manter um nível de endogamia menor que 12,5%. Segundo PEREIRA (2001), a endogamia reduz a viabilidade do bezerro, o desempenho reprodutivo, o crescimento e a produção de leite e de gordura, e aumenta a incidência de defeitos recessivos e doenças. Em geral, para o aumento de 1% na endogamia, há redução de 22,7 Kg por lactação de 305 dias. Já Nicholas (1989), citado por PANTE et al. (2001), sugeriu uma taxa anual de endogamia (F) de 0,5% como aceitável para os esquemas MOET.

GODDARD e SMITH (1990) sugerem um tamanho efetivo mínimo de 40 por geração para maximizar o retorno econômico, já MEUWISSEN e WOOLLIANS (1994) recomendam valores entre 30 e 250 para prevenir decréscimos no valor adaptativo.

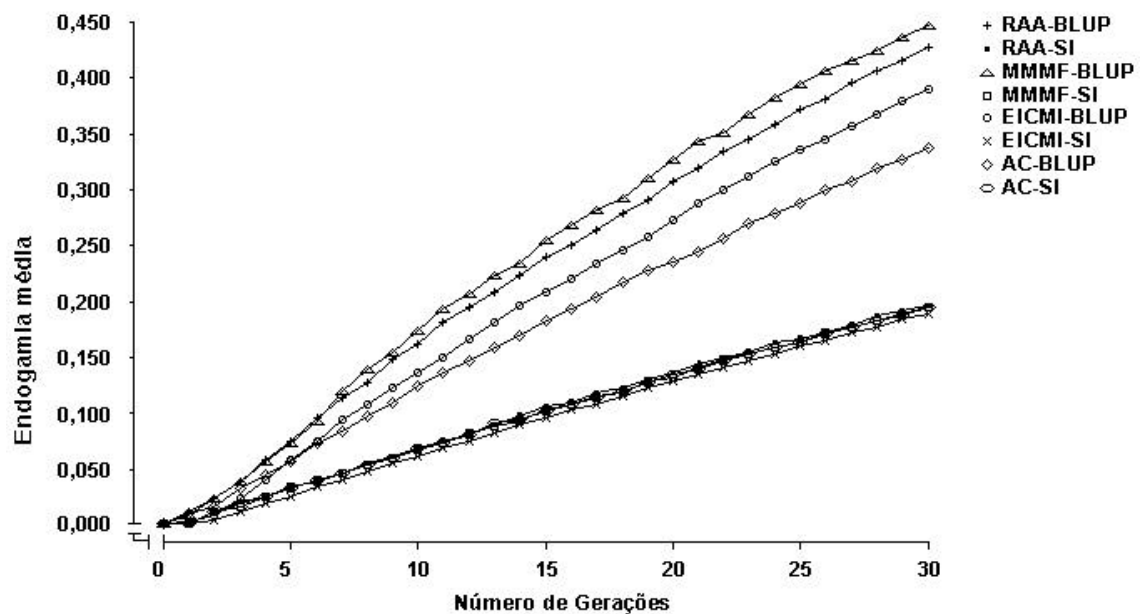


(a)

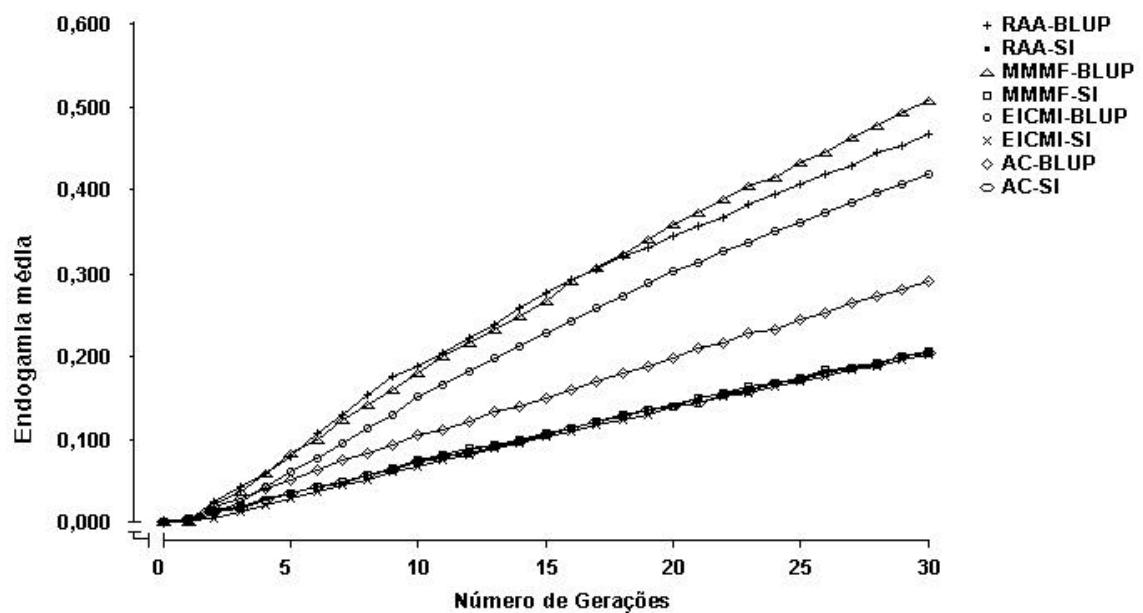


(b)

Figura 1 - Coeficientes de endogamia média (%) observados nas populações com tamanho efetivo um ($TE_1=30$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).

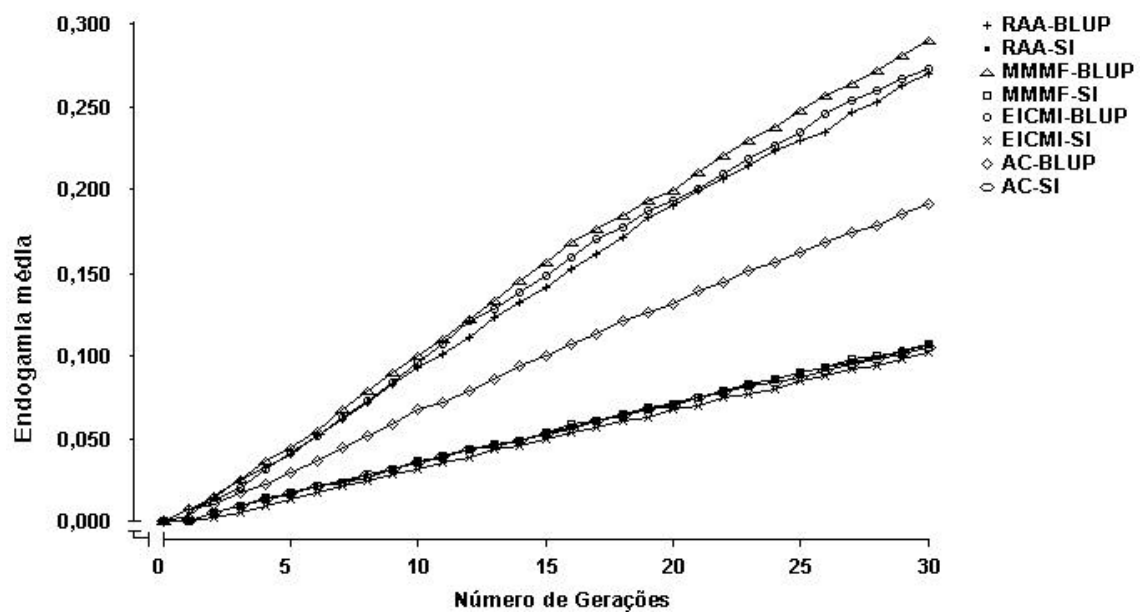


(a)

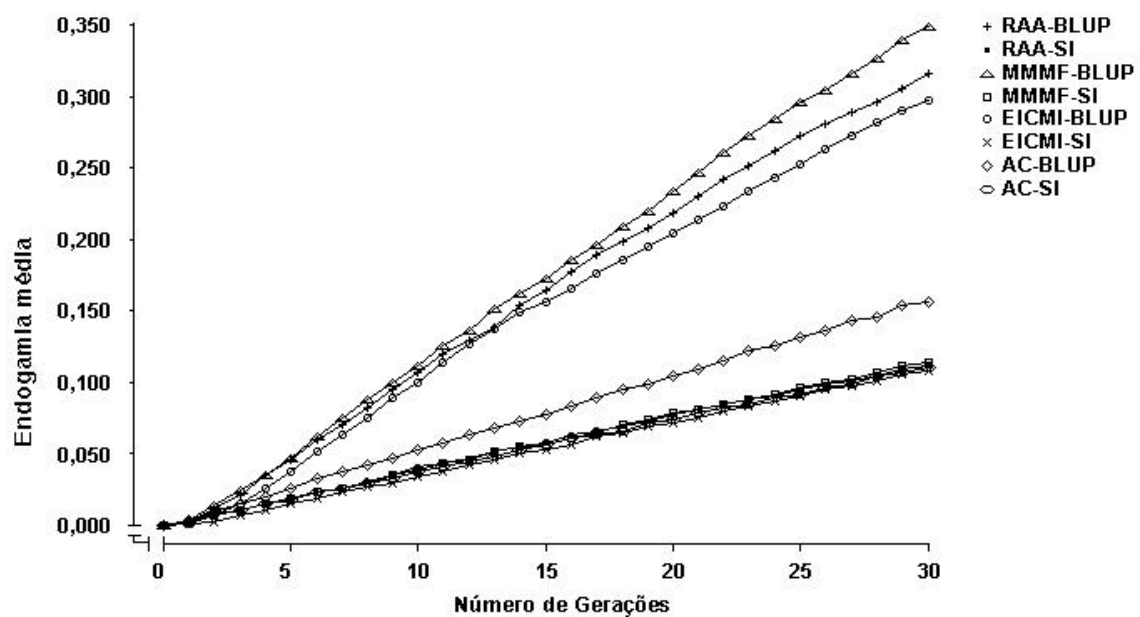


(b)

Figura 2 - Coeficientes de endogamia média (%) observados nas populações com tamanho efetivo dois ($TE_2=60$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).

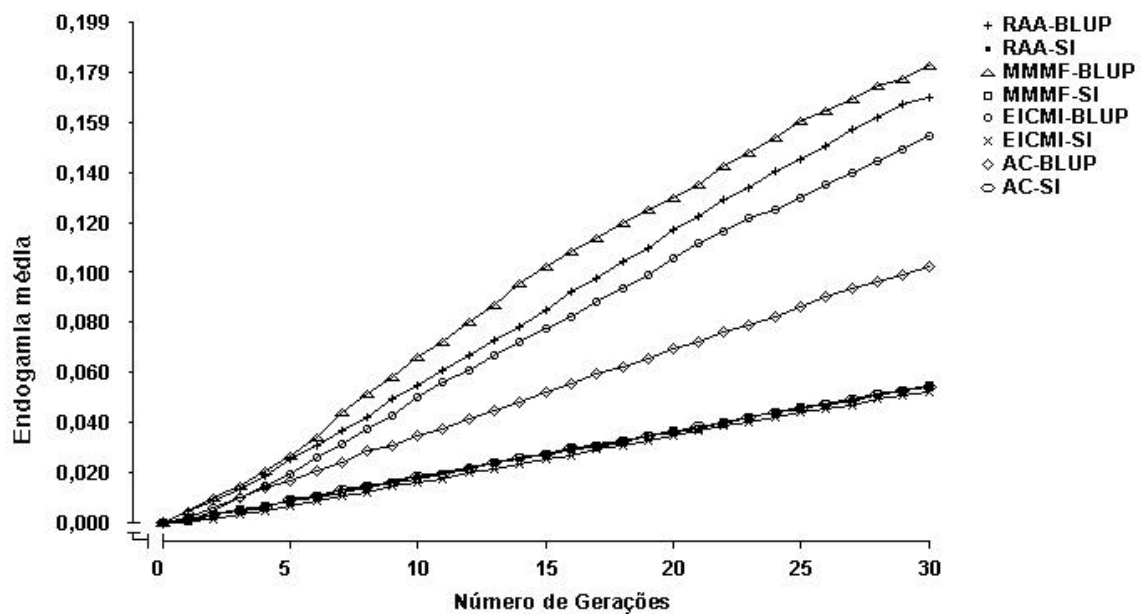


(a)

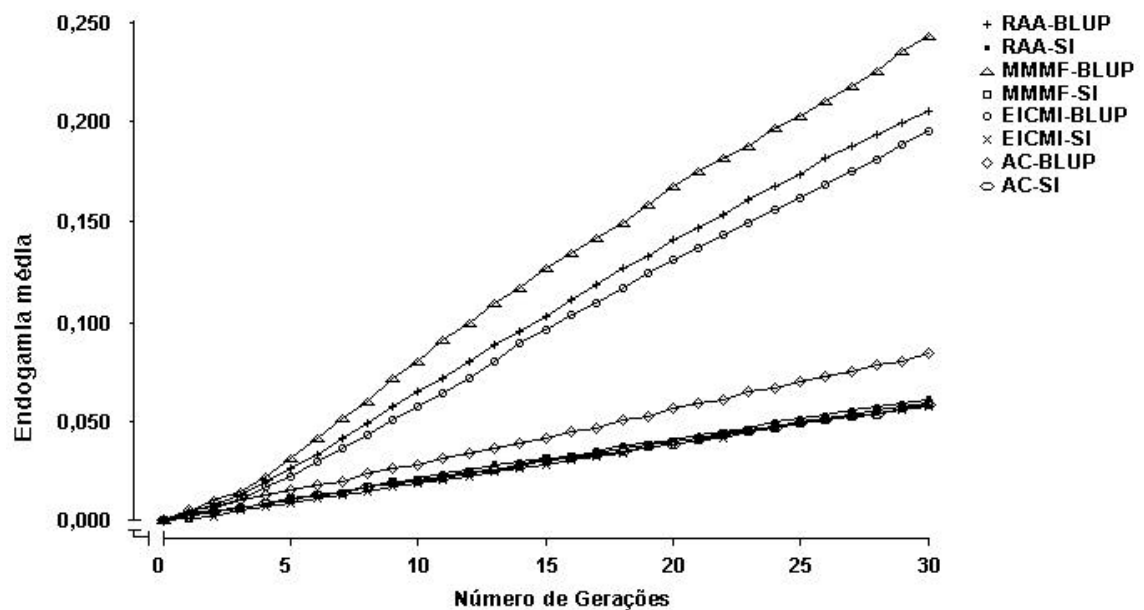


(b)

Figura 3 - Coeficientes de endogamia média (%) observados nas populações com tamanho efetivo três ($TE_3=120$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).



(a)



(b)

Figura 4 - Coeficientes de endogamia média (%) observados nas populações com tamanho efetivo quatro ($TE_4=240$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).

Quadro 3 - Coeficientes de endogamia média (%) obtidos nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,10$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	0,129	0,074	0,040	0,025	0,058	0,031	0,016	0,009
	10	0,271	0,161	0,091	0,055	0,123	0,067	0,034	0,018
	30	0,619	0,426	0,269	0,170	0,348	0,195	0,105	0,054
MMMF	5	0,134	0,072	0,043	0,026	0,059	0,032	0,015	0,008
	10	0,282	0,172	0,099	0,066	0,120	0,065	0,035	0,018
	30	0,633	0,445	0,288	0,182	0,348	0,193	0,106	0,054
EICMI	5	0,097	0,056	0,041	0,019	0,045	0,024	0,012	0,006
	10	0,226	0,134	0,095	0,049	0,111	0,059	0,031	0,016
	30	0,568	0,388	0,272	0,154	0,336	0,188	0,101	0,052
AC	5	0,133	0,054	0,029	0,016	0,058	0,030	0,017	0,009
	10	0,255	0,122	0,066	0,034	0,132	0,067	0,034	0,018
	30	0,618	0,337	0,190	0,102	0,354	0,193	0,104	0,054

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 (Ne=30); TE2=Tamanho efetivo 2 (Ne=60); TE3=Tamanho efetivo 3 (Ne=120); TE4=Tamanho efetivo 4 (Ne=240); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 4 - Coeficientes de endogamia média (%) obtidos nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,50$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	0,126	0,078	0,046	0,025	0,059	0,034	0,017	0,010
	10	0,254	0,187	0,106	0,064	0,135	0,071	0,039	0,020
	30	0,649	0,465	0,314	0,205	0,367	0,203	0,112	0,060
MMMF	5	0,132	0,083	0,047	0,030	0,063	0,033	0,018	0,010
	10	0,269	0,177	0,110	0,080	0,129	0,072	0,038	0,020
	30	0,653	0,505	0,347	0,242	0,357	0,203	0,112	0,058
EICMI	5	0,091	0,060	0,037	0,022	0,046	0,026	0,014	0,008
	10	0,205	0,148	0,099	0,057	0,116	0,065	0,034	0,018
	30	0,561	0,415	0,296	0,195	0,346	0,199	0,107	0,056
AC	5	0,085	0,050	0,025	0,015	0,065	0,034	0,017	0,009
	10	0,183	0,102	0,052	0,027	0,134	0,070	0,036	0,019
	30	0,493	0,287	0,156	0,083	0,361	0,203	0,109	0,057

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 (Ne=30); TE2=Tamanho efetivo 2 (Ne=60); TE3=Tamanho efetivo 3 (Ne=120); TE4=Tamanho efetivo 4 (Ne=240); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 5 - Diferenças dos coeficientes de endogamia média relativas ao TE1 (TE1-TE_n) nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,10$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	0,129	-42,6%	-69,0%	-80,6%	0,058	-46,6%	-72,4%	-84,5%
	10	0,271	-40,6%	-66,4%	-79,7%	0,123	-45,5%	-72,4%	-85,4%
	30	0,619	-31,2%	-56,5%	-72,5%	0,348	-44,0%	-69,8%	-84,5%
MMMF	5	0,134	-46,3%	-67,9%	-80,6%	0,059	-45,8%	-74,6%	-86,4%
	10	0,282	-39,0%	-64,9%	-76,6%	0,120	-45,8%	-70,8%	-85,0%
	30	0,633	-29,7%	-54,5%	-71,2%	0,348	-44,5%	-69,5%	-84,5%
EICMI	5	0,097	-42,3%	-57,7%	-80,4%	0,045	-46,7%	-73,3%	-86,7%
	10	0,226	-40,7%	-58,0%	-78,3%	0,111	-46,8%	-72,1%	-85,6%
	30	0,568	-31,7%	-52,1%	-72,9%	0,336	-44,0%	-69,9%	-84,5%
AC	5	0,133	-59,4%	-78,2%	-88,0%	0,058	-48,3%	-70,7%	-84,5%
	10	0,255	-52,2%	-74,1%	-86,7%	0,132	-49,2%	-74,2%	-86,4%
	30	0,618	-45,5%	-69,3%	-83,5%	0,354	-45,5%	-70,6%	-84,7%

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 (Ne=30); TE2=Tamanho efetivo 2 (Ne=60); TE3=Tamanho efetivo 3 (Ne=120); TE4=Tamanho efetivo 4 (Ne=240); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 6 - Diferenças dos coeficientes de endogamia média relativas ao TE1 (TE1-TE_n) nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,50$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	0,126	-38,1%	-63,5%	-80,2%	0,059	-42,4%	-71,2%	-83,1%
	10	0,254	-26,4%	-58,3%	-74,8%	0,135	-47,4%	-71,1%	-85,2%
	30	0,649	-28,4%	-51,6%	-68,4%	0,367	-44,7%	-69,5%	-83,7%
MMMF	5	0,132	-37,1%	-64,4%	-77,3%	0,063	-47,6%	-71,4%	-84,1%
	10	0,269	-34,2%	-59,1%	-70,3%	0,129	-44,2%	-70,5%	-84,5%
	30	0,653	-22,7%	-46,9%	-62,9%	0,357	-43,1%	-68,6%	-83,8%
EICMI	5	0,091	-34,1%	-59,3%	-75,8%	0,046	-43,5%	-69,6%	-82,6%
	10	0,205	-27,8%	-51,7%	-72,2%	0,116	-44,0%	-70,7%	-84,5%
	30	0,561	-26,0%	-47,2%	-65,2%	0,346	-42,5%	-69,1%	-83,8%
AC	5	0,085	-41,2%	-70,6%	-82,4%	0,065	-47,7%	-73,8%	-86,2%
	10	0,183	-44,3%	-71,6%	-85,2%	0,134	-47,8%	-73,1%	-85,8%
	30	0,493	-41,8%	-68,4%	-83,2%	0,361	-43,8%	-69,8%	-84,2%

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 (Ne=30); TE2=Tamanho efetivo 2 (Ne=60); TE3=Tamanho efetivo 3 (Ne=120); TE4=Tamanho efetivo 4 (Ne=240); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

4.2-Valor Fenotípico

Nas Figuras 5, 6, 7, 8 e Quadros 7 e 8 são apresentados os valores fenotípicos médios resultantes da seleção praticada no decorrer de 30 gerações, com 20 repetições, sob utilização da seleção individual (SI) e do BLUP para herdabilidade baixa ($h^2=0,10$) e alta ($h^2=0,50$). Os Quadros 9 e 10 apresentam as diferenças de ganho entre os tamanhos efetivos e os Quadros 11 e 12 mostram a eficiência do BLUP em relação a seleção individual (SI).

Quatro tamanhos efetivos de população foram utilizados, TE1=30,00, TE2=60,00, TE3=120,00 e TE4=240,00 e também quatro sistemas de acasalamento: reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC). Ainda duas herdabilidades para a característica considerada foram usadas, sendo uma baixa ($h^2=0,10$) e outra alta ($h^2=0,50$).

Observou-se aumentos constantes nos valores fenotípicos, no decorrer das trinta gerações de seleção, para todas as combinações de métodos de seleção, tamanhos efetivos, sistemas de acasalamento e herdabilidades. Fato este esperado, pois os ganhos obtidos pela seleção são permanentes e cumulativos.

Entretanto verificou-se que os valores fenotípicos médios foram menores para a seleção individual (SI) e maiores para o BLUP, separando nitidamente os dois métodos de seleção em dois grupos distintos, independentemente do sistema de acasalamento, tamanho efetivo e herdabilidade (Figuras 5, 6, 7 e 8). Alguns autores também observaram resultados semelhantes aos encontrados, são eles: EUCLYDES (1996), CARNEIRO (1998), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002) e BREDA (2003).

A seleção baseada no BLUP aumenta a acurácia das avaliações genéticas, o que o torna mais eficiente na escolha dos melhores indivíduos para a reprodução, visto que são utilizadas todas as informações disponíveis de parentes dos candidatos à seleção, de forma a se otimizar a resposta genética em curto prazo (VERRIER et al., 1993). Essa eficiência é ainda maior quando as características consideradas na seleção apresentam baixa herdabilidade (CABALLERO et al., 1996). Segundo HENDERSON (1975) e

Lush, 1947, citado por WEI et al. (1996), O BLUP e o índice de seleção, são os métodos que levam a maior resposta à seleção devido ao grande número de informações utilizadas por eles.

Comparando-se os sistemas de acasalamento para herdabilidade baixa ($h^2=0,10$), no Quadro 7, verifica-se que, em geral, os métodos que apresentaram os maiores valores fenotípicos, dentro do BLUP, foram os acasalamentos dos melhores machos com melhores fêmeas (MMMF) seguido do que exclui irmãos completos e meio-irmãos (EICMI), depois o de reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) e por último de acasalamento compensatório (AC). As diferenças entre os valores fenotípicos apresentados foram pequenas. Para a seleção individual (SI) o comportamento foi semelhante ao do BLUP, porém com diferenças ainda menores.

Utilizando simulação e avaliando uma característica de baixa herdabilidade ($h^2=0,10$), CUNHA (2001) relata que os tipos de acasalamentos que apresentaram melhores resultados, quanto aos valores fenotípicos, foram aqueles que excluíram acasalamentos entre irmãos. Entretanto, o maior tamanho efetivo utilizado foi de 36,36 e foram avaliados os valores fenotípicos até cinquenta gerações. No presente trabalho foram utilizadas populações com tamanho efetivo entre 30 e 240 e estas foram selecionadas por trinta gerações. Ainda no estudo desenvolvido por CUNHA (2001), até a vigésima geração não houve diferença entre os sistemas de acasalamento avaliados quanto aos ganhos alcançados.

Para a característica de herdabilidade alta ($h^2=0,50$) verifica-se, no Quadro 8, um comportamento semelhante ao apresentado pela herdabilidade baixa ($h^2=0,10$). Porém, o sistema que excluiu irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) superou o que utiliza os melhores machos com melhores fêmeas (MMMF) ao final da geração 30. Os valores fenotípicos médios foram mais altos que os da $h^2=0,10$.

No entanto, deve-se ressaltar que o acasalamento compensatório apresentou valores iguais ou superiores a todos os outros métodos para as gerações 5, 10 e 30, considerando-se tamanho efetivo um (TE1-AC), com $h^2=0,10$, tanto para o BLUP quanto para a seleção individual (SI), Quadro 7. Resultados de simulação encontrados por VERRIER et al. (1993) indicaram que para um modelo poligênico aditivo, a seleção baseada na avaliação por

BLUP adotando modelo animal é capaz de maximizar a resposta, porém procedimentos que atribuem menos ênfase a informação de família pode ser uma alternativa interessante a ser considerada, principalmente em populações pequenas, quando se pretende otimizar o ganho por longo período de tempo.

FALCONER e MACKAY (1996) citam que a resposta genética a um ciclo de seleção para características quantitativas é função somente da acurácia de seleção, da intensidade de seleção e da variância genética aditiva na população. Entretanto, como citado por WEI et al. (1996), para seleção em longo prazo, em pequenas populações, outros fatores como oscilação genética, desequilíbrio gamético, variância mutacional, tamanho efetivo de população, estrutura da população e estratégia de seleção, devem ser incorporados para prever a resposta acumulada da seleção.

Quando se comparou os tamanhos efetivos dois (TE2), três (TE3) e quatro (TE4) com o tamanho efetivo um (TE1), na herdabilidade $h^2=0,10$ (Quadro 9), observou-se uma tendência de ganho negativo para a geração 5 e de ganho positivo para as gerações 10 e 30 com exceção do acasalamento compensatório (AC) que só apresentou ganho positivo na geração 30. O acasalamento com exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) apresentou todos os ganhos positivos. Essa tendência foi semelhante tanto para o BLUP quanto para a seleção individual (SI).

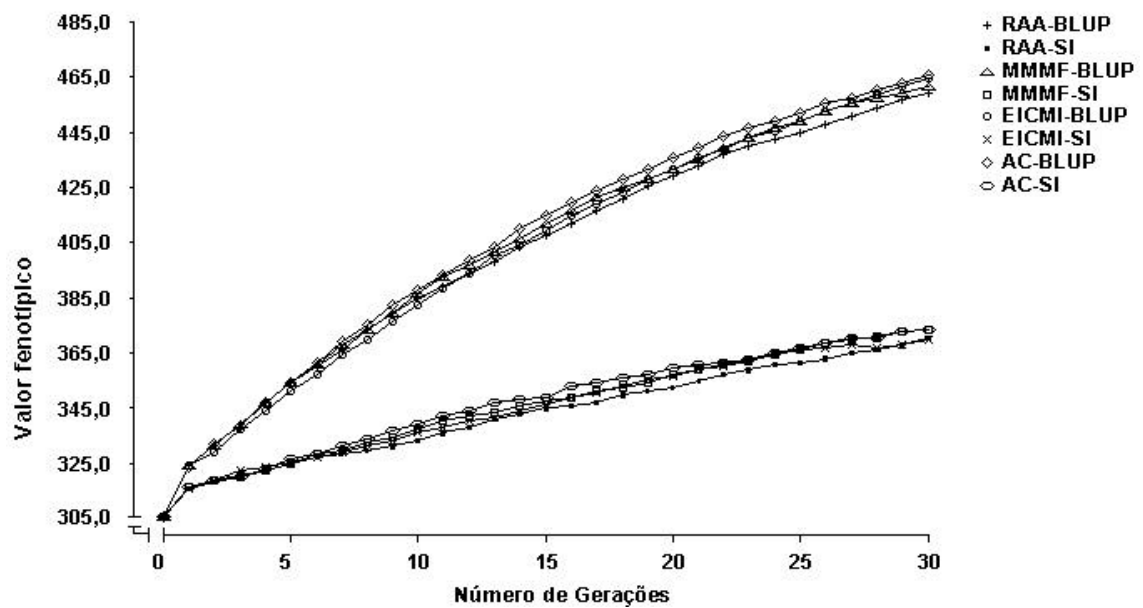
Fazendo-se a mesma comparação na herdabilidade $h^2=0,50$ (Quadro 10), a tendência de ganho negativo no BLUP só foi observada para a geração 5. Para a seleção individual (SI) a tendência de ganho negativo foi observada para as gerações 5 e 10.

De acordo com WEY (1996) diferentes métodos de seleção (seleção individual, índice de seleção e BLUP) diferem na acurácia, na qual os valores genéticos individuais são estimados. Uma maior acurácia aumenta a resposta da seleção em curto prazo, mas devido à seleção de maior número de indivíduos da mesma família, também aumenta a taxa de endogamia, de forma que isto reduz a resposta à seleção.

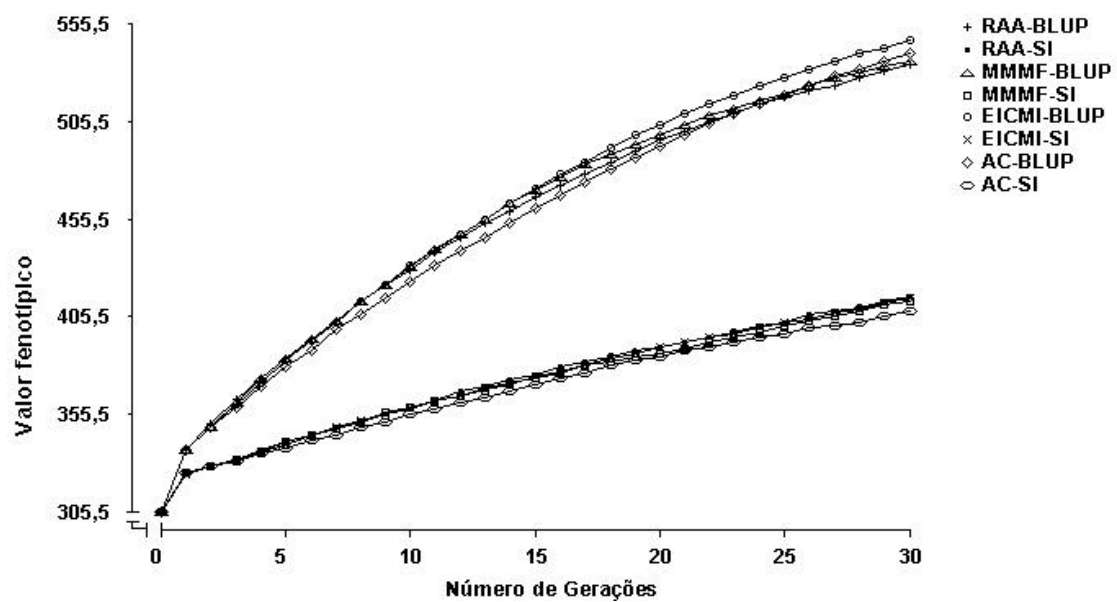
Alguns estudos de simulação, com resposta a seleção em longo prazo, foram conduzidos por BELONSKY e KENNEDY (1988). Eles apresentaram algumas sugestões para comparações de resposta a seleção em curto e longo prazos e concluíram que o BLUP alcança maior resposta que a seleção

individual para dez gerações de seleção, porque o aumento da acurácia na seleção pelo BLUP é mais importante que a redução no tamanho efetivo da população. VERRIER et al. (1993) usando diferentes tamanhos de população mostraram que a seleção individual possui maior resposta que o BLUP se a população é pequena.

MEUWISSEM (1989), trabalhando com simulação em gado de leite durante 10 gerações de seleção, considerando um tamanho efetivo de população pequeno (10 animais), observou, para esta condição extrema, que dobrar o número de animais já era suficiente para incrementar a taxa de ganho em aproximadamente 6,5%.

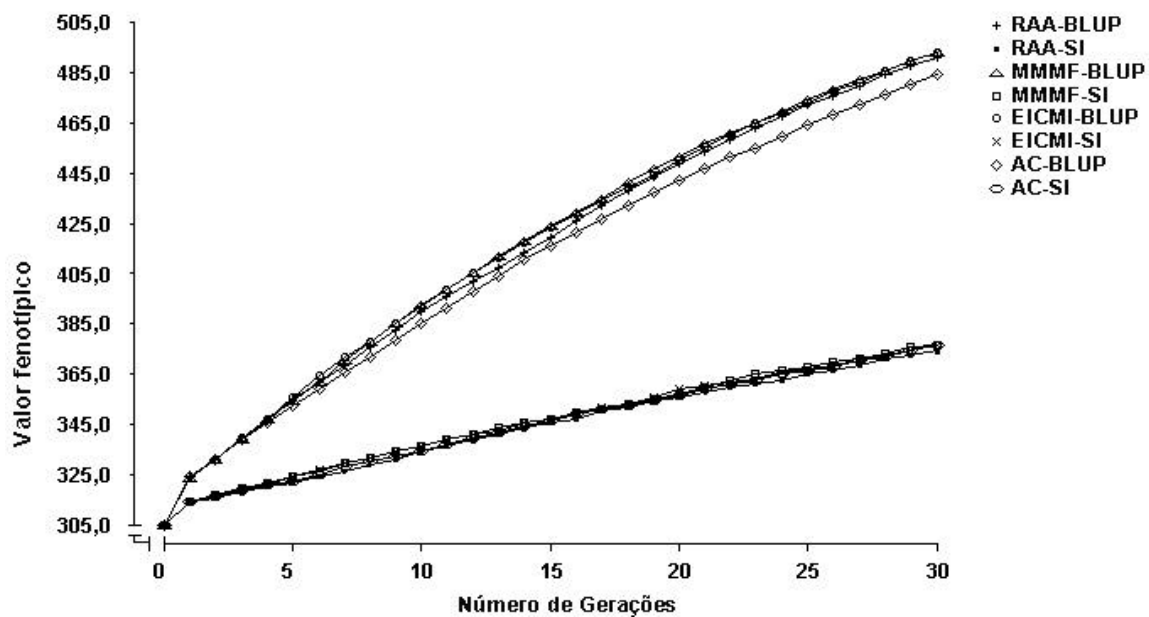


(a)

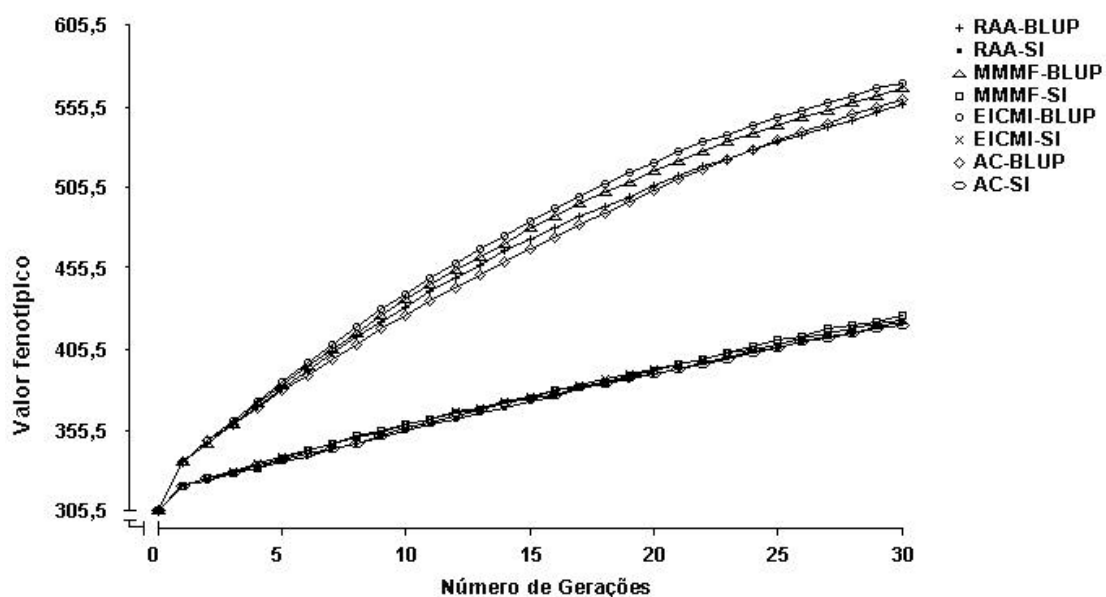


(b)

Figura 5 - Valores fenotípicos médios, em unidades fenotípicas, observados nas populações com tamanho efetivo um ($TE_1=30$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).

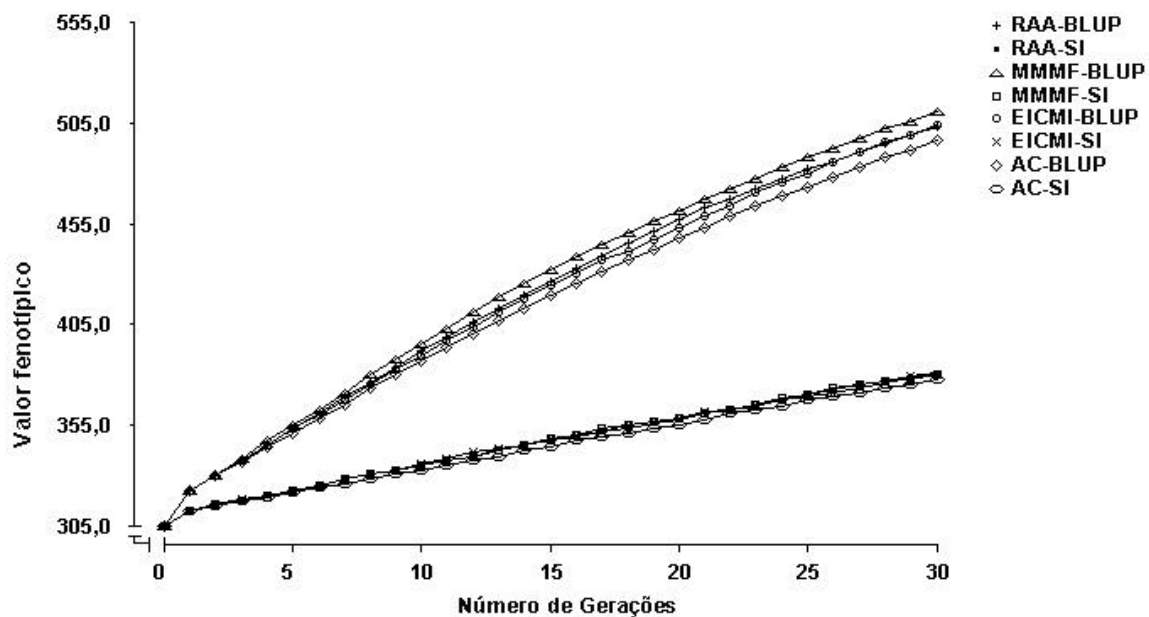


(a)

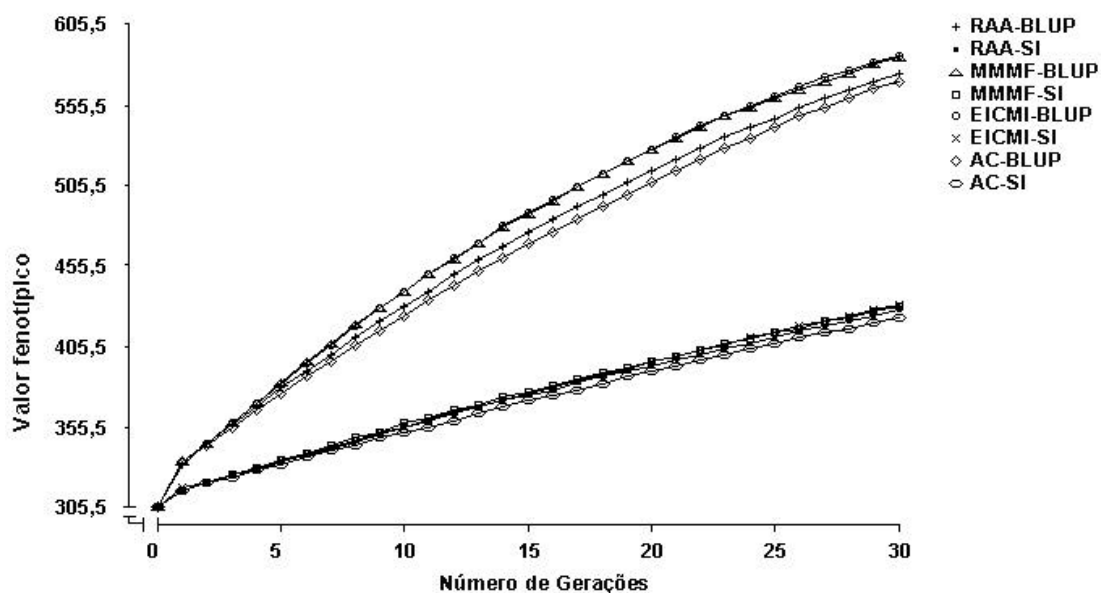


(b)

Figura 6 - Valores fenotípicos médios, em unidades fenotípicas, observados nas populações com tamanho efetivo dois ($TE_2=60$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).

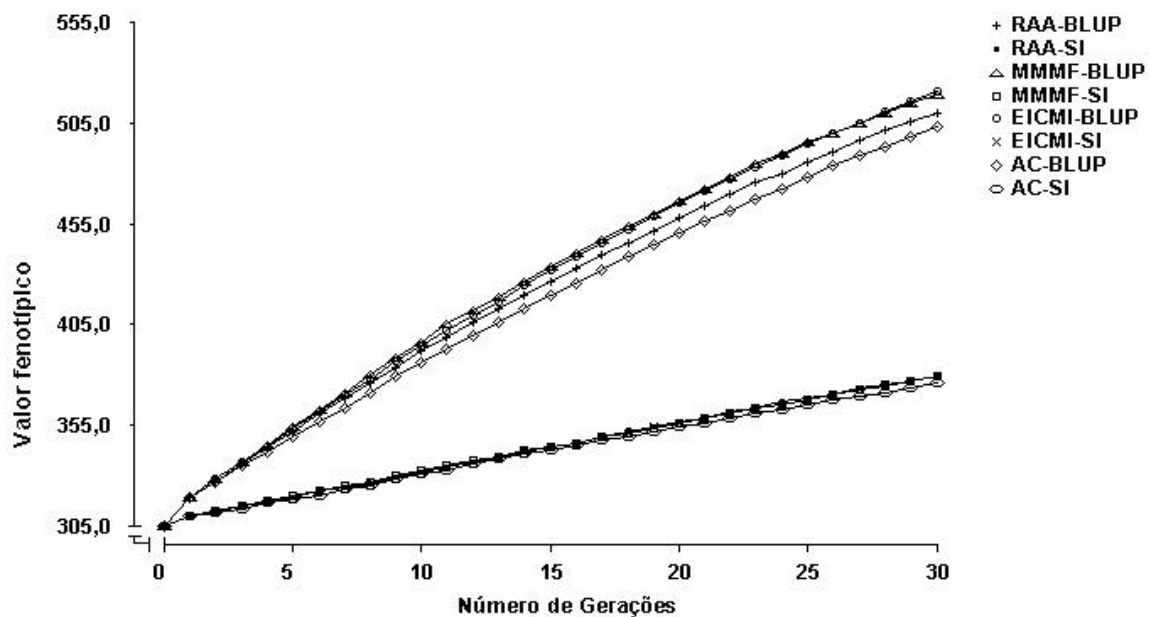


(a)

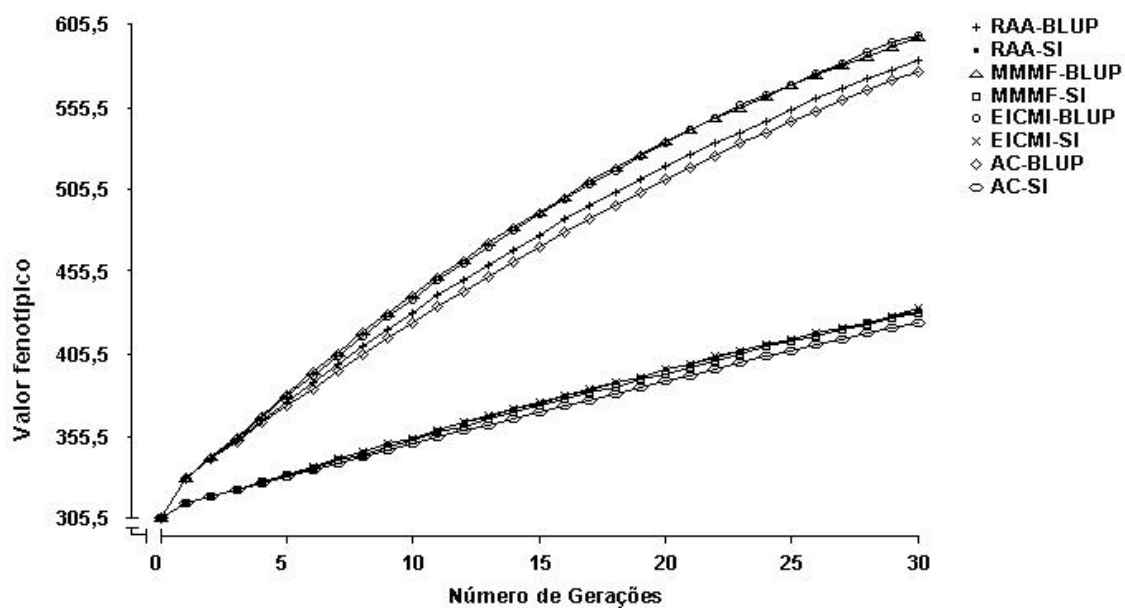


(b)

Figura 7 - Valores fenotípicos médios, em unidades fenotípicas, observados nas populações com tamanho efetivo três ($TE_3=120$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).



(a)



(b)

Figura 8 - Valores fenotípicos médios, em unidades fenotípicas, observados nas populações com tamanho efetivo quatro ($TE_4=240$), reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA), melhores machos com melhores fêmeas (MMMF), exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e acasalamento compensatório (AC), para as características com herdabilidades $h^2=0,10$ (a) e $h^2=0,50$ (b) utilizando-se BLUP e SI (seleção individual).

Quadro 7 - Valores fenotípicos médios nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,10$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	353	354	353	352	324	322	322	319
	10	384	389	391	391	332	334	335	331
	30	459	491	503	510	370	374	381	379
MMMF	5	353	354	355	353	324	324	322	320
	10	386	392	395	396	336	337	335	332
	30	461	493	510	519	373	377	380	379
EICMI	5	350	355	352	353	325	324	322	319
	10	382	392	389	394	335	336	336	331
	30	464	493	504	520	369	376	380	379
AC	5	353	352	351	349	325	322	321	318
	10	387	385	386	385	338	334	333	330
	30	465	484	496	503	373	376	378	376

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 ($N_e=30$); TE2=Tamanho efetivo 2 ($N_e=60$); TE3=Tamanho efetivo 3 ($N_e=120$); TE4=Tamanho efetivo 4 ($N_e=240$); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 8 - Valores fenotípicos médios nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,50$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	384	380	379	376	341	335	333	331
	10	429	431	430	430	358	354	354	354
	30	534	555	574	583	415	421	427	431
MMMF	5	384	382	383	381	341	337	334	331
	10	430	436	439	440	359	358	356	352
	30	536	565	584	597	413	425	429	430
EICMI	5	383	385	381	379	340	338	334	332
	10	431	439	439	438	359	358	355	354
	30	546	569	586	599	415	423	431	432
AC	5	379	379	375	373	338	337	332	330
	10	423	425	424	424	355	355	351	350
	30	540	558	570	577	408	420	423	424

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 ($N_e=30$); TE2=Tamanho efetivo 2 ($N_e=60$); TE3=Tamanho efetivo 3 ($N_e=120$); TE4=Tamanho efetivo 4 ($N_e=240$); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 9 – Diferenças de ganho nos valores fenotípicos médios, relativas ao TE1 (TE1-TE_n), nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,10$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	353	2,9%	-1,2%	-2,4%	0,0%	-11,4%	-10,6%	-27,4%
	10	384	6,0%	8,0%	8,1%	0,0%	6,8%	9,2%	-4,4%
	30	459	20,3%	28,5%	32,8%	0,0%	6,2%	16,9%	14,2%
MMMF	5	353	1,8%	3,1%	-0,2%	0,0%	-0,6%	-9,5%	-24,2%
	10	386	7,7%	11,6%	12,7%	0,0%	0,2%	-5,2%	-14,2%
	30	461	19,9%	31,2%	36,6%	0,0%	5,6%	10,3%	8,6%
EICMI	5	350	10,8%	4,0%	4,9%	0,0%	-4,9%	-13,9%	-28,4%
	10	382	13,4%	10,2%	15,9%	0,0%	3,8%	2,5%	-12,3%
	30	464	17,9%	24,9%	35,0%	0,0%	11,5%	17,1%	15,6%
AC	5	353	-2,9%	-4,9%	-9,0%	0,0%	-14,2%	-19,5%	-37,2%
	10	387	-3,2%	-1,1%	-2,3%	0,0%	-12,2%	-16,9%	-24,6%
	30	465	11,3%	19,0%	23,4%	0,0%	5,3%	7,4%	4,3%

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 (Ne=30); TE2=Tamanho efetivo 2 (Ne=60); TE3=Tamanho efetivo 3 (Ne=120); TE4=Tamanho efetivo 4 (Ne=240); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 10 – Diferenças de ganho nos valores fenotípicos médios relativos, ao TE1 (TE1-TE_n), nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,50$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP				SI			
		TE1	TE2	TE3	TE4	TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	384	-4,6%	-6,7%	-10,5%	0,0%	-16,2%	-22,9%	-26,8%
	10	429	1,3%	0,4%	0,4%	0,0%	-7,6%	-7,7%	-8,4%
	30	534	9,4%	17,7%	21,6%	0,0%	5,6%	11,1%	14,4%
MMMF	5	384	-1,7%	-1,3%	-3,9%	0,0%	-10,3%	-20,0%	-28,8%
	10	430	4,1%	6,9%	8,0%	0,0%	-1,8%	-4,6%	-12,7%
	30	536	12,7%	20,6%	26,4%	0,0%	10,8%	15,0%	15,5%
EICMI	5	383	2,8%	-1,8%	-5,1%	0,0%	-6,4%	-18,3%	-24,3%
	10	431	6,6%	6,6%	5,8%	0,0%	-1,9%	-7,1%	-9,1%
	30	546	9,5%	16,5%	21,8%	0,0%	7,5%	14,7%	15,5%
AC	5	379	-0,1%	-5,4%	-7,3%	0,0%	-4,5%	-18,7%	-25,2%
	10	423	2,1%	0,9%	0,8%	0,0%	0,1%	-8,4%	-9,9%
	30	540	8,0%	12,8%	15,8%	0,0%	11,3%	14,2%	15,6%

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; SI=Seleção individual; TE1=Tamanho efetivo 1 (Ne=30); TE2=Tamanho efetivo 2 (Ne=60); TE3=Tamanho efetivo 3 (Ne=120); TE4=Tamanho efetivo 4 (Ne=240); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Eficiência do BLUP

Nos Quadros 11 e 12 são mostrados os valores de eficiência do BLUP em relação a seleção individual (SI) para as gerações 5, 10 e 30. Observa-se que a maior eficiência do BLUP foi obtida na herdabilidade baixa ($h^2=0,10$), Quadro 11. Observa-se também que, nesta herdabilidade, o acasalamento compensatório com tamanho efetivo quatro (AC-TE4) foi a combinação que apresentou os maiores percentuais, alcançando 246%, 220% e 181% a mais de ganho genético para as gerações 5, 10 e 30, respectivamente. Quando a herdabilidade foi alta ($h^2=0,50$), Quadro 12, o acasalamento dos melhores machos com melhores fêmeas com tamanho efetivo quatro (MMMMF-TE4), foi a combinação que apresentou os maiores percentuais, alcançando 199%, 190% e 134% a mais de ganho para as gerações 5, 10 e 30 respectivamente. Segundo WEI et al. (1996), o índice de seleção e o BLUP usando modelo animal, são os métodos que levam a maior resposta à seleção.

QUINTON et al. (1992), trabalhando com diferentes estruturas populacionais, quanto ao número de animais avaliados e selecionados, com diferentes níveis de endogamia e assumindo gerações discretas, observaram que a seleção por BLUP utilizando modelo animal proporcionou maiores ganhos genéticos do que a seleção fenotípica. Também verificou que esta superioridade foi acompanhada pela seleção de um menor número de indivíduos, assim como um menor número de famílias selecionadas. Comparando-se os resultados obtidos sob um mesmo nível de endogamia (nível moderado), os autores concluíram que a estratégia de realizar a seleção sob as estimativas dos valores genéticos obtidas por BLUP pode não ser o método mais eficiente, e, nas condições avaliadas, sob menores valores de herdabilidade a seleção fenotípica foi mais eficiente.

Quadro 11 – Eficiência do BLUP ,em relação a SI, para os valores fenotípicos médios, nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,10$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP			
		TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	2,54	2,95	2,81	3,41
	10	2,91	2,89	2,88	3,30
	30	2,38	2,70	2,61	2,77
MMMF	5	2,53	2,59	2,88	3,33
	10	2,57	2,77	3,03	3,38
	30	2,31	2,62	2,75	2,91
EICMI	5	2,27	2,64	2,74	3,32
	10	2,55	2,79	2,75	3,37
	30	2,49	2,63	2,65	2,90
AC	5	2,39	2,70	2,82	3,46
	10	2,47	2,72	2,94	3,20
	30	2,38	2,51	2,63	2,81

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; TE1=Tamanho efetivo 1 ($N_e=30$); TE2=Tamanho efetivo 2 ($N_e=60$); TE3=Tamanho efetivo 3 ($N_e=120$); TE4=Tamanho efetivo 4 ($N_e=240$); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

Quadro 12 – Eficiência do BLUP ,em relação a SI, para os valores fenotípicos médios, nas populações que utilizaram a característica de herdabilidade $h^2=0,50$

Sistema de acasalamento	Geração	BLUP			
		TE1	TE2	TE3	TE4
RAA	5	2,22	2,53	2,69	2,71
	10	2,35	2,57	2,55	2,57
	30	2,08	2,15	2,20	2,21
MMMF	5	2,21	2,43	2,73	2,99
	10	2,35	2,49	2,63	2,90
	30	2,14	2,18	2,25	2,34
EICMI	5	2,23	2,45	2,68	2,80
	10	2,35	2,56	2,70	2,74
	30	2,21	2,25	2,24	2,33
AC	5	2,25	2,36	2,62	2,79
	10	2,37	2,41	2,61	2,65
	30	2,28	2,21	2,25	2,29

BLUP=Melhor preditor linear não-viesado; TE1=Tamanho efetivo 1 ($N_e=30$); TE2=Tamanho efetivo 2 ($N_e=60$); TE3=Tamanho efetivo 3 ($N_e=120$); TE4=Tamanho efetivo 4 ($N_e=240$); RAA=Reprodutores acasalados aleatoriamente; MMMF=Melhores machos com melhores fêmeas; EICMI=Exclusão de irmãos completos e meio irmãos; AC=Acasalamento compensatório.

5.0-CONCLUSÕES

O BLUP foi o método de seleção que levou a maiores ganhos genéticos sendo também o que apresentou os maiores coeficientes de endogamia média para todas as combinações de tamanhos efetivos, sistemas de acasalamentos e herdabilidades até 30 gerações de seleção..

A eficiência do BLUP, em relação à seleção individual, foi maior até a quinta e décima gerações de seleção, principalmente na herdabilidade baixa ($h^2=0,10$).

A herdabilidade foi o fator mais importante para a diferenciação da seleção individual, quanto ao valor fenotípico médio, em maiores valores na herdabilidade alta ($h^2=0,50$) e menores valores na herdabilidade baixa ($h^2=0,10$).

O tamanho efetivo da população foi o fator que mais influenciou o coeficiente de endogamia, onde, os incrementos de endogamia diminuíram a medida que o tamanho efetivo aumentou, atingido os menores valores nas populações de tamanho efetivo $N_e=240$, após 30 gerações de seleção.

O sistema de acasalamento de melhores machos com melhores fêmeas (MMMF) 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 (RAA) e logo após pelo sistema que exclui o acasalamento entre irmãos completos e meio-irmãos (EICMI).

O sistema de acasalamento compensatório (AC) foi o que se mostrou mais eficiente em diminuir o coeficiente de endogamia média, principalmente utilizando a metodologia do BLUP na característica de alta herdabilidade ($h^2=0,50$), apresentando pequena diminuição no valor fenotípico médio em relação aos outros sistemas de acasalamento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BELONSKY, G. M., KENNEDY, B. W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 66, p.1124-1131, 1988.
- BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A. Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. **Genetics**, v. 156, p. 361-373, 2000.
- BREDA, F. C. **Influência de populações selecionadas sobre a avaliação genética animal**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2003, 59p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- BRISBANE, J.R.; GIBSON, J.P. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. **Theoretical and Applied Genetics**. 91: 421-431, 1995.
- 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, A. P. S. **Efeito do grau de conexidade dos dados sobre a avaliação genética animal**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1999, 62p. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1999.

- CARNEIRO, P. L. S. **Efeito de erros de *pedigree* na avaliação genética animal**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1998, 79p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1998.
- CARNEIRO, P. L. S. **Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CORRÊA, F. J. C. **Avaliação de métodos de seleção tradicionais, assistida por marcadores moleculares e por genes candidates, com dados simulados**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 54 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- CUNHA, E. E. **Avaliação de tipos de acasalamentos em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 104 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- EISEN, E. J. Population size and selection intensity effects on long term selection response in mice. **Genetics**, v. 79, p. 305-323, 1975.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção Clássicos e associados a marcadores moleculares**. Viçosa, MG, Universidade Federal de Viçosa, 1996. 149 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- FALCONER, D.S. **Introdução a genética quantitativa**. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva. Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ., 1981. 279p.
- FALCONER, D.S., MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. ed. 4, Longman, London. 1996.
- 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.
- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., PENNA, V.M., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Guzará. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001a. p.480-481.
- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Gir Mocho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001b. p.482-483.

- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Nelore Mocho. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001c. p.483-484.
- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Gir. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001d. p.484-485.
- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Indubrasil. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001e. p.485-486.
- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Nelore. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001f. p.486-487.
- FARIA, F.J.C., VERCESI FILHO, A.E., MADALENA, F.E., JOSAHKIAN, L.A. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Tabapuã. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 38., Piracicaba. **Anais...** Piracicaba : SBZ, 2001g. p.488-489.
- FERNÁNDEZ, J. Equilibrio respuesta consagunidad. In. XIII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, Espanha 2003. 55p.
- FONSECA, R. **Efeito da violação de pressuposições da metodologia de modelos mistos na avaliação genética animal.** Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1999. 57 p. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- GODDARD, M.G., SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v. 73, p. 1113-1122, 1990.
- GRUNDY, B.; CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; HILL, W. G. A note on using biased parameter values and non-random mating to reduce rates of inbreeding in selection programmes. **Animal Production**, v. 59, p. 465-468, 1994.
- HARTL, D. L. **A primer of population genetics.** Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc.(ed), 2nd edition, 1988. 305p.
- HENDERSON, C.R. Rapid method for computing the inverse of a relationship matrix. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 58, p.1727-1730, 1975.

- JEYARUBAN, M. G., GIBSON, J. P., GOWE, R. S. Comparison of index selection and best linear unbiased prediction for simulated layer poultry data. **Poultry Science**, Champaign, v. 74, p.1566-1576, 1995.
- KUHLERS, D. L., KENNEDY, B. W. Effect of culling on selection response using phenotypic selection or best linear unbiased prediction of breeding values in small, closed herds of swine. **Journal of Animal Science**, Champaign, v.70, p. 2338-2348, 1992.
- LEITCH, H. W., SMITH, C., BURNSIDE, E. B., QUINTON, M. Genetic response and inbreeding with different selection methods and mating designs for nucleus breeding programs of dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 77, n. 6, p. 1702-1718, 1994.
- MEUWISSEN, T.H.E. A deterministic model for the optimization of dairy cattle breeding. **Animal Production**, v. 49, p. 193-202, 1989.
- 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., WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 89, p. 1019-1026, 1994.
- MIGLIOR, F. A.; SZKOTNICKI, B.; BURNSIDE, E. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 75, p. 1112-1118, 1992.
- 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=blup+and+genetic+drift&lr>.
- PANTE, M. J. R.; GJERDE, B.; McMILLAN, I. Inbreeding levels in selected populations of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. **Aquaculture**, v. 192, p. 213- 224, 2001.
- PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 3. ed.- Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2001. 555 p.
- QUEIROZ, S. A. ; ALBUQUERQUE, L. G. ; LANZONI, N. A. Efeito da endogamia sobre características de crescimento de bovinos da raça Gir no Brasil. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 29, n. 4, p.1014-1019, 2000.

- QUINTON, M., SMITH, C., GODDARD, M. E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 70, p.1060-1067, 1992.
- QUINTON, M., SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**, v. 73, n. 8, p.2208-2212, 1995.
- SANTIAGO, E.; CABALLERO, A. Effective size of population under selection. **Genetics**, 139: 1013- 1030, 1995.
- SIEGEL, P. B., DUNNINGTON, E. A. Genetic selection strategies-population genetics. **Poultry Science**. V. 76, p. 1062-1065, 1997.
- SILVA, M.A. **Melhoramento animal** (Noções básicas de genética quantitativa). Viçosa – MG:UFV, 1993. 61p. (Publicação, 132).
- SCHAEFFER, L.; CALUS, M.; LIU, X. Genetic evaluation of conformation traits using random contemporary groups and reducing the influence of parent averages. **Livestock Production Science**, 69: 129 - 137, 2001.
- TORO, M.A.; PÉREZ-ENCIZO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. **Genetic, Selection and Evolution**, v. 22: 93 – 107, 1990.
- VERRIER, E., COLLEAU, J. J., FOULLEY, J. L. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. **Theoretical and Applied Genetic**, Berlin, v. 87, p. 446-454, 1993.
- WANG, J. Exact inbreeding coefficient and effective size of finite populations under partial sib mating. **Genetics**, v. 140, p. 357-363, 1995.
- WANG, J. More efficient breeding system for controlling inbreeding and effective size in animal populations. **Heredity**, v. 79, p. 591-599, 1997.
- WEI, M.; CABALLERO, A.; HILL, W. G. Selection response in finite populations. **Genetics**, v. 144, p. 1961-1974, 1996.
- WU, L. ; SCHAEFFER, L. R. Reducing the effect of parent averages from animal solutions in mixed model equations. **Journal Animal Breeding Genetics**, v.117, p. 361-374, 2000.