

HELMUT GONÇALVES LEHNER

**COMPARAÇÃO DE DIFERENTES CENÁRIOS DE MÉTODOS DE SELEÇÃO,
TIPOS DE ACASALAMENTO E RAZÕES SEXUAIS EM CARACTERÍSTICAS DE
CODORNAS DE CORTE USANDO SIMULAÇÃO**

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
2013

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

T

L523c
2013
Lehner, Helmut Gonçalves, 1984-
Comparação de diferentes cenários de métodos de seleção,
tipos de acasalamento e razões sexuais em características de
codornas de corte usando simulação / Helmut Gonçalves Lehner.
– Viçosa, MG, 2013.
viii, 57f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui apêndices.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.46-51.

1. Codorna. 2. Codorna - Genética - Métodos de simulação.
3. Codorna - Seleção. 4. Genética. I. Universidade Federal de
Viçosa. Departamento de Zootecnia. Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia. II. Título.

CDD 22 ed. 636.594

HELMUT GONÇALVES LEHNER

**COMPARAÇÃO DE DIFERENTES CENÁRIOS DE MÉTODOS DE SELEÇÃO,
TIPOS DE ACASALAMENTO E RAZÕES SEXUAIS EM CARACTERÍSTICAS DE
CODORNAS DE CORTE USANDO SIMULAÇÃO**

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: 8 de agosto de 2013.

Sérgio Luiz de Toledo Barreto

Antônio Policarpo Souza Carneiro

Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

“Dedico a Deus pelo dom da vida e por tudo que sou. Aos meus pais Edgar e Edlene e a minha irmã por todo amor, carinho, dedicação e que sempre fazem dos meus sonhos os seus”

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal de Viçosa, ao programa de pós-graduação em Zootecnia e ao departamento de Zootecnia pela oportunidade de realização do curso.

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

Ao meu orientador Robledo de Almeida Torres por estar sempre presente quando precisei dando atenção, incentivo, o qual merece meu respeito e gratidão pelos ensinamentos.

Ao professor aposentado Ricardo Frederico Euclides por ter me orientado durante minha graduação e grande parte do mestrado.

Aos professores Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Antônio Policarpo Souza Carneiro, pela atenção, apoio e sugestões para o aprimoramento deste trabalho.

Aos demais professores do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, pelos ensinamentos e atenção.

Aos meus pais pelo apoio diário, incentivo, sendo fundamentais para realização de mais essa etapa.

A minha irmã, por ser tão especial em minha vida e estar presente em todos os momentos da minha vida.

BIOGRAFIA

Helmut Gonçalves Lehner, filho de Edgar Lehner e Edlene Gonçalves Nogueira Lehner, natural de Pará de Minas, MG, nasceu em dois de julho de 1984.

Em 2008 iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa, MG, onde foi bolsista de iniciação científica por dois anos, acompanhando pesquisas junto ao Programa de Melhoramento Genético do departamento de Zootecnia da UFV, sob orientação do Prof. Ricardo Frederico Euclides.

Em julho de 2011, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa.

Em agosto de 2011 iniciou o curso de Mestrado em Zootecnia, tendo o professor Robledo de Almeida Torres como orientador, na Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se ao exame final de defesa da dissertação em agosto de 2013.

SUMÁRIO

RESUMO -----	vii
ABSTRACT -----	ix
1- INTRODUÇÃO -----	1
2- REVISÃO DE LITERATURA -----	3
2.1- Codornas de corte-----	3
2.2- Simulação de dados-----	5
2.3- Métodos de seleção individual e BLUP-----	6
2.4- Tipos de acasalamento e a razão sexual da população-----	10
3- MATERIAS E MÉTODOS -----	13
3.1- Obtenção dos dados-----	13
3.2- Formação do genoma-----	13
3.3- Características avaliadas-----	14
3.4- Estruturas populacionais-----	15
3.5- Parâmetros avaliados-----	17
4- RESULTADOS E DISCUSSÃO -----	19
4.1- Valores fenotípicos-----	19
4.2- Coeficientes médios de endogamia-----	26
4.3- Fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis-----	34
4.4- Limite da seleção-----	40
5- CONCLUSÕES -----	45
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS -----	46
APÊNDICES -----	52

RESUMO

LEHNER, Helmut Gonçalves, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2013. **Comparação de diferentes cenários de métodos de seleção, tipos de acasalamento e razões sexuais em características de codornas de corte usando simulação.** Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Objetivou-se comparar diferentes cenários incluindo métodos de seleção, tipos de acasalamento e razões sexuais em características de interesse econômico de codornas de corte a longo prazo. Foram simulados para cada característica (peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade) diferentes genomas similares ao da codorna européia por meio do programa computacional GENESYS. A partir de cada genoma foi obtido inicialmente uma população base de 1200 indivíduos (600 machos e 600 fêmeas) heterozigotos sem nenhum parentesco entre si. Posteriormente, foi formada a população inicial através da amostragem e acasalamento aleatório de 204 machos e 204 fêmeas obtendo uma população inicial de 2040 indivíduos correspondentes a um número médio de 10 descendentes por fêmea. Depois de formadas as populações iniciais, teve início à formação das populações de seleção, num total de 24 para cada característica, correspondendo aos cenários formados por dois métodos de seleção (SI= Individual e BP= BLUP), quatro razões sexuais (D_1 = 204 machos: 204 fêmeas; D_2 = 102 machos: 204 fêmeas; D_3 = 68 machos: 204 fêmeas; e D_4 = 51 machos: 204 fêmeas) e três sistemas de acasalamento (RAA= Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC= Exclusão de Irmãos Completos; EICMI= Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos) ao longo de 20 gerações com 10 repetições. As populações sob seleção foram comparadas através dos parâmetros: valor fenotípico, coeficiente médio de endogamia, fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis e limite da seleção. Observou-se que quanto ao método de seleção, os valores fenotípicos médios em geral foram superiores para o BLUP, principalmente na característica peso ao abate. Entretanto, os indivíduos submetidos ao BLUP resultaram em maior incremento do coeficiente de endogamia, maior percentagem de fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis e a maior redução no limite de seleção. O aumento das razões sexuais influenciou principalmente os coeficientes de endogamia dentro da população. Os sistemas de acasalamento que excluíram o cruzamento entre aparentados (EIC e EICMI) foram determinantes na redução da endogamia, além de proporcionarem um aumento da

fixação de alelos favoráveis e redução na fixação de alelos desfavoráveis e no limite da seleção.

ABSTRACT

LEHNER, Helmut Gonçalves, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2013. **Proportion of different scenarios of selection methods, mating types and sexual reasons in characteristics quail cutting using simulation.** Adviser: Robledo de Almeida Torres.

This study aimed to compare different scenarios including methods of selection, mating and sexual reasons economic interest characteristics of quails in the long term. Were simulated for each trait (slaughter weight, carcass yield and mortality) different genomes similar to the European quail through the computer program GENESYS. From each genome was originally obtained from a population base of 1200 patients (600 males and 600 females) heterozygotes with no relationship to one another. Subsequently, the initial population was formed by random sampling and mating of 204 males and 204 females obtaining an initial population of 2040 individuals corresponding to an average number of offspring per female 10. Formed after the initial populations began the formation of the selected populations, a total of 24 for each characteristic, corresponding to scenarios formed by two selection methods (SI= Single and BP= BLUP), four sex ratios ($D_1= 204$ males: 204 females; $D_2= 102$ males: 204 females; $D_3= 68$ males: 204 females, and $D_4= 51$ males: 204 females) and three mating systems (RAA= Players randomly mated; EIC= Deleting Brothers Completion; EICMI= Deleting Brothers Full and Half-Brothers) over 20 generations with 10 repetitions. Populations under selection were compared using the parameters: phenotypic value, the average coefficient of inbreeding, fixation of favorable and unfavorable alleles and selection limit. It was observed that the method of selection, the phenotypic values were generally higher for the BLUP, especially in the characteristic slaughter weight. However, individuals undergoing BLUP resulted in higher increase in inbreeding coefficient, the greater percentage of fixation favorable and unfavorable alleles and greater reduction in threshold selection. The increase in sex ratios mainly influenced coefficients of inbreeding within the population. Mating systems that excluded the crossing among relatives (EIC and EICMI) were instrumental in reducing inbreeding, besides providing an increased fixation of favorable alleles and reduction in unfavorable allele fixation and selection limit.

1- INTRODUÇÃO

Em virtude do aumento constante do consumo de carne no mundo existe uma busca de alternativas de produtos de origem animal a fim de satisfazer as exigências nutricionais do ser humano. A codorna é uma excelente alternativa para a alimentação humana, pois pode ser utilizada tanto para a produção de ovos quanto para a produção de carne, tendo uma excelente aceitação do seu produto diante do consumidor devido excepcional qualidade e valor nutritivo dos seus produtos.

A criação de codornas para fins de produção destaca-se dentro da avicultura, pois as instalações não necessitam de grandes investimentos, uma vez que este animal é pequeno e ocupa pouco espaço e sua produção de dejetos é inferior à das criações animais convencionais. Além disso, os excelentes índices zootécnicos são de grande relevância devido ao retorno econômico em curto prazo. Entre eles se destacam: o rápido crescimento, a precocidade na produção e na maturidade sexual, pequeno intervalo entre gerações, a alta produtividade, entre outros.

Grande parte deste sucesso se deve aos avanços obtidos nos programas de melhoramento genético. No entanto, no Brasil esses programas de seleção são recentes, tendo a falta de material genético próprio especializado diante a importação de linhagens de corte. Com isso, se faz necessário a ampliação de estudos com a finalidade de definir estratégias de seleção que ampliem o desempenho dos indivíduos dentro da população, além de evitar problemas causados pelo aumento da consanguinidade como redução de postura, queda de fertilidade e o aumento da mortalidade.

Nesse sentido, dentro de um programa de melhoramento é necessário conhecer a eficiência relativa de cada método de seleção e empregar o que proporciona maiores ganhos genéticos, a menores custos e no menor tempo possível. Além disso, é necessário estudos sobre a proporção adequada de fêmeas em relação a machos e das formas de acasalamento dos indivíduos selecionados dentro da população visando determinar quais os efeitos em longo prazo no progresso genético e da depressão endogâmica nas características de interesse.

Uma forma segura, barata e eficiente de fazer as avaliações genéticas é o uso de programas de simulação genética, que permite a criação de um grande número de gerações e de repetições, com mérito genético perfeitamente conhecido. Essa prática permite ao pesquisador criar diversas situações prováveis, permitindo a tomada de decisão para obter fenótipos superiores.

Visando dar suporte a programas de seleção, objetivou-se comparar através da simulação genética cenários incluindo os métodos de seleção, tipos de acasalamento e razões sexuais, visando determinar o de melhor desempenho, para a característica peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade em codornas de corte.

2- REVISÃO DE LITERATURA

2.1- Coturnicultura de corte

O consumo per capita de carne de codorna ainda é muito baixo no mundo, pois existe uma concepção de que a carne é um alimento requintado e oneroso servido apenas em ocasiões especiais como aperitivo ou petisco. Desse modo, é necessário quebrar esses paradigmas tornando os sistemas de produção mais eficientes com a finalidade de aumentar a oferta de carne ao mercado consumidor (CUNHA, 2009).

Inicialmente, a coturnicultura no Brasil era voltada apenas à exploração de ovos onde se abatiam os machos da codorna de postura ou as próprias fêmeas ao final do seu ciclo produtivo gerando carcaças pequenas e com carne dura. No entanto, passou a existir uma demanda por carne de melhor qualidade justificando o crescimento expressivo da criação de linhagens de corte, que apresenta carcaças de alto conteúdo protéico e baixa quantidade de gordura (MÁS et al., 2004).

A prática da criação de codornas para produção de carne é uma atividade recente no país. Ela teve um grande salto a partir do ano de 1996, quando uma grande empresa, com intuito de obter animais mais produtivos e de maior rendimento de carcaça realizou a importação das primeiras matrizes especializadas em corte (GESSULLI, 2002). Deste modo, após a implantação da linhagem européia deixou-se de atender apenas o mercado de ovos apresentando uma melhora significativa na produção e qualidade da carne.

A produção voltada ao consumidor utiliza de linhagens específicas de origem européia (*Coturnix coturnix*) e alguns produtores ainda utilizam codornas de linhagens de postura (*Coturnix japonica*) com origem asiática. No entanto, de

acordo com REZENDE et al. (2004), as codornas de postura são animais de porte pequeno que geram carcaças pequenas e de baixa qualidade, e geralmente são descartadas ao final do ciclo reprodutivo para a produção de carne. Já as codornas de corte, de acordo com ALMEIDA et al. (2002), possuem porte maior e são mais pesadas proporcionando rendimentos de carcaça até 70% maiores que as de codornas de postura.

As codornas européias são fenotipicamente similares com as codornas asiáticas, no entanto apresentam maior taxa de crescimento atingindo o peso adulto precocemente, comumente superior a 300 gramas em idade ao abate. Isso ocorre porque, as codornas européias possuem melhor conversão alimentar e maior ganho de peso médio do que as codornas japonesas (GARCIA, 2002).

ALMEIDA et al. (2002) ao comparar desempenho produtivo de codornas de linhagens de corte e postura concluíram que as de origem européia apresentaram melhor ganho de peso médio ao longo da vida e uma melhor conversão alimentar, sendo portanto, as de melhor aptidão para produção de carne. Já SILVA et al. (2007), verificaram que as codornas destinadas a corte apresentaram um peso de 200 g aos 21 dias de idade decorrente de maior deposição de proteína e água na carcaça. Segundo estes, após este período ocorrem uma maior deposição de gordura e retenção de nutrientes no aparelho reprodutivo decrescendo o ganho de peso diário.

Atualmente, o país vem se destacando no mercado, sendo considerado o quinto maior produtor mundial de carne de codorna (SILVA & COSTA, 2009). De acordo com dados do IBGE (2011), o efetivo brasileiro era de cerca 15,5 milhões de codornas no ano de 2011, o que representou um aumento de 16,5% em

relação ao ano de 2010. A maior participação efetiva na produção de codornas é o estado de São Paulo representando 46,4% da produção total.

2.2- Simulação de dados

Dentro de um programa de melhoramento existe uma série de limitações que inviabilizam muitas vezes a realização das pesquisas. Pensando nisso, ferramentas como a simulação de dados permite aos melhoristas criar um grande volume de dados e prever o comportamento de diferentes cenários que fundamentarão a tomada de decisões e a execução de ações na prática (CRUZ, 2006).

De acordo com MUIR (2000) a utilização de técnicas de simulação permite reduzir o tempo e a necessidade de animais e laboratórios que aumentam os custos e podem se tornar fatores limitantes no estudo do melhoramento animal. Com isso, permite obter informações de animais com curto e principalmente longo intervalo de gerações, levando a obtenção de um grande volume de dados em um curto período de tempo, o que otimiza os custos de produção. Além disso, segundo NASS et al. (2001) os resultados são condizentes com os constatados em situações reais, sejam através de testes de hipóteses, análises estatísticas ou comparações com situações reais.

Para EUCLYDES (1996), a simulação utilizando pro programa GENESYS, tem a capacidade de criar um genoma complexo de determinado indivíduo sendo capaz de definir, para determinada característica, o número de locos e alelos envolvidos, o número de efeitos fixos, a média e a variância genética, herdabilidade, variância do efeito fixo, entre outros. Assim, é possível obter o valor

fenotípico do indivíduo, o qual passará por processos de seleção e acasalamento durante um longo período de tempo.

Trabalhos de simulação em nível de gene têm sido feitos por vários autores, com objetivos diversos, como: comparar métodos de seleção tradicionais e modernos para verificação de efeitos aditivos de genes fixos e aleatórios (CORRÊA, 2001) e avaliar o desempenho de diferentes métodos de seleção quanto à resposta genética (EUCLYDES, 1996).

Com o avanço da genômica a simulação tem contribuído de modo substancial podendo ser empregada na seleção assistida por marcadores moleculares, por exemplo, permitindo serem simulados diferentes cenários, de acordo com pressuposições genéticas e estatísticas de interesse, otimiza a utilização de recursos para análise de mapeamento genético e estudos de marcadores genéticos (EUCLYDES, 1996).

2.3- Métodos de seleção individual e BLUP

Dentro da produção animal os processos de seleção permitem aperfeiçoar o progresso genético dos indivíduos (PIRES et al., 2010). A escolha de uma estratégia de seleção depende da magnitude do ganho genético esperado e da facilidade de aplicação. No entanto, independente do método de seleção escolhido, busca-se a obtenção de indivíduos geneticamente superiores, ou seja, aqueles que apresentam ganhos desejáveis em características de interesse econômico (FALCONER, 1987).

De acordo com PEREIRA (2001), cada método de seleção tem uma resposta no progresso genético da característica. Entretanto, um método de seleção que apresenta um resultado desejável em curto prazo pode não manter

isto em uma análise a longo prazo, pois o ganho genético de determinada característica poderá decrescer ao longo das gerações.

Quanto maior o número de característica envolvidas no processo de seleção menor o progresso genético em cada característica separadamente devido a correlações entre as mesmas. Com isso, há necessidade da escolha do método de seleção mais adequado, visando maximizar o progresso genético das características de interesse dentro de um programa de melhoramento genético (LOPES, 2005). Para isso, é necessário conhecer a eficiência relativa de cada método de seleção e empregar o que proporciona maiores ganhos genéticos, a menores custos e no menor tempo possível.

Entre as alternativas de seleção diretamente sob uma característica dado excelentes resultados obtidos em programas de seleção estão o uso de métodos tradicionais, baseados em informações fenotípicas, como o melhor preditor linear não-viesado (BLUP) e a seleção individual.

Para LOPES (2005), a seleção individual quando usada diretamente sob uma única característica de alta herdabilidade baseando somente nos valores fenotípicos dos próprios indivíduos é considerado um método prático e fácil de ser aplicado além de proporcionar ganhos genéticos em um curto período de tempo.

SANTOS (2007) comparando diferentes cenários entre seleção individual e seleção entre famílias utilizando dados simulados em características de diferentes herdabilidades concluiu que a seleção individual obteve bons resultados em características de média a alta herdabilidade.

Ao avaliar o comportamento de indivíduos submetidos a métodos de seleção diferentes sob mesma taxa de endogamia usando dados simulados, QUINTON et al. (1992) concluíram que a seleção individual apresentou melhores

valores fenotípicos do que os outros métodos de seleção estudados, quando o objetivo foi manter em níveis baixos (1%) de consanguinidade ao longo das gerações.

De acordo com VERRIER et al. (1993), ao compararem o efeito do tamanho da população em diferentes métodos de seleção, concluíram que a seleção individual é melhor que a seleção pelo BLUP em pequenas populações.

EUCLYDES (1996) relatou um melhor desempenho do BLUP até 25 gerações de seleção, quando este foi superado pela seleção individual, por ter provocado aumento acentuado da endogamia e, conseqüentemente, reduzido a variância genética aditiva.

O uso da metodologia de modelos mistos por meio do BLUP no qual os valores genéticos dos indivíduos selecionados são preditos de acordo com suas informações individuais agregadas às informações colhidas de seus familiares tem sido indicada. Desta forma, quanto mais aparentados forem os indivíduos dentro da população selecionada maior será a acurácia das análises devido o uso da matriz de parentesco (MARTINS, 1997).

Entre as principais vantagens do BLUP estão à capacidade de ajustar os diferentes níveis de efeitos fixos provenientes de diferentes gerações, locais e idades, gerando estimativas e predições mais precisas (RESENDE, 2002). De acordo com LOPES (2005), ele também é capaz de avaliar indivíduos com observações perdidas, sem observações e com apenas algumas características.

De acordo com LYNCH & WALSH (1999), em situações de grande volume de informações de pedigree o BLUP confere maior acurácia, em um intervalo de tempo menor, resultando em melhores respostas à seleção. No entanto, atenção

deve ser dada quando esse método se aplica em um grande número de gerações devido há um aumento no incremento da consanguinidade da população.

MUIR (2000) relatou que à medida que aumenta os níveis de endogamia existe a perda de alelos favoráveis decorrente da deriva genética.

Segundo JEYARUBAN et al. (1995), a seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP teve melhor desempenho que diferentes índices de seleção e a seleção individual ao trabalhar com populações simuladas de aves.

CARNEIRO et al. (2002), usando dados simulados estudaram a influência do efeito de dois coeficientes de herdabilidade (0,10 e 0,50), dois tamanhos efetivos (13,33 e 26,66) e três números de repetições (5, 10 e 15) em populações sob seleção individual e seleção baseada na predição do melhor estimador não-viesado (BLUP) ao longo de 20 gerações. Os autores constataram que a seleção pelo BLUP apresentou maior resposta à seleção, embora a resposta pela seleção individual em populações maiores tenha sido similar à do BLUP em populações menores.

Ao avaliarem os efeitos da endogamia em frangos de corte submetidos à seleção individual e pelo BLUP, considerando-se diferentes sistemas de acasalamento e tamanhos efetivos da população utilizando dados simulados OLIVEIRA et al. (2006), encontraram que nas maiores populações apresentaram um menor incremento na endogamia e que deve-se restringir, também, o cruzamento entre irmãos completos para que haja o melhor controle na endogamia.

MALHADO et al. (2004), visando comparar diferentes métodos de seleção ao longo de 20 gerações encontraram que o ganho genético foi maior para o BLUP em relação ao BLUP com auxílio de informações moleculares (BLUPM), e

este foi superior a seleção individual (SI). Entretanto, quando se considerou o ganho obtido apenas nas cinco primeiras gerações, o BLUPM apresentou ganhos semelhantes ao BLUP clássico, e estes superiores à seleção individual.

2.4- Tipos de acasalamento e a razão sexual da população

Em um programa de melhoramento genético dos animais domésticos o método de acasalamento mais simples é o de forma aleatória (ao acaso) onde existe, frequentemente, o cruzamento entre animais aparentados. Entretanto, diferentes tipos de acasalamento ditos não aleatórios foram propostos com objetivo de minimizar os efeitos prejudiciais da elevação nos níveis de consanguinidade. Esses aumentos de acordo com DICKERSON (1970) levam a consequências como o aparecimento de problemas produtivos e reprodutivos dentro da população devido à queda da variabilidade genética provocada pela maior porcentagem da expressão de genes em homozigose em relação à expressão de genes em heterozigotose.

SHIMBO et al. (2000), relataram que as causas mais usuais de aumento do grau de consanguinidade em animais são quando se acasalam parentes desejando a transmissão de uma característica de um determinado indivíduo a seus descendentes, e, em pequenas populações, em que as opções de acasalamentos são reduzidas. Além disso, SILVA et al. (2001) apontaram que a falta de programas de acasalamento eficientes e o fato de trabalhar com populações fechadas tem sido determinantes no incremento da endogamia.

Segundo LEE & VAN DER WERF (2004), as restrições nas formas de acasalamento dos indivíduos são usadas para diminuir os efeitos da consanguinidade e aumentar a variabilidade genética dentro da população.

Consequentemente contribui para o aumento no valor fenotípico dos animais, pois há uma de fixação de alelos favoráveis e redução de alelos desfavoráveis.

De acordo com CABALLERO & TORO (2002), o uso de acasalamento estratégico onde os reprodutores possuem alguma coancestralidade em populações sob seleção durante um longo período de tempo reduz as taxas de consanguinidade. Com isso, é de grande importância a escolha racional do tipo de acasalamento, principalmente em pequenas populações mantidas fechadas onde a variabilidade genética tende a decrescer ao longo das gerações.

MARTINS (2009) constatou, ao estudar o efeito de diferentes sistemas de acasalamento na população submetidas à seleção individual que os sistemas que excluem o acasalamento entre irmãos proporcionaram menores coeficientes de endogamia em longo prazo. Além disso, concluiu que o maior incremento de endogamia foi devido às taxa de mutação e intensidade de seleção.

Ao avaliar cinco diferentes sistemas de acasalamento submetidos à seleção, CUNHA et al. (2003) concluíram que a exclusão de acasalamento entre irmãos apresentaram os melhores resultados quanto aos valores fenotípicos e exerceram controle mais efetivo sobre o aumento da consanguinidade. Por outro lado, o sistema que utiliza o acasalamento entre irmãos apresentaram os piores resultados e o acasalamento ao acaso apresentou resultados intermediários.

Para WANG (1997), a exclusão de acasalamento entre meio-irmãos, entre irmãos completos, ou de ambos proporcionou redução dos coeficientes de endogamia ao longo das gerações. No entanto, atenção deve ser dada a razão sexual (razão fêmeas: machos) em relação adotada no programa de seleção, pois a medida que a mesma diminui ocorre redução da ocorrência do acasalamento entre meio-irmãos e aumento dos acasalamentos entre irmãos completos.

O estudo da razão sexual é fundamental para obtenção de resposta a seleção para uma determinada característica, pois estar diretamente relacionado com a taxa de deriva genética, da consanguinidade e da intensidade de seleção em uma população. Deste modo, os indivíduos com menor coeficiente de parentesco devem ser preferidos nos acasalamentos, pois tal medida contribui para a diminuição da endogamia na população (CABALLERO, 1994).

De acordo com FALCONER (1987) o número de animais testados e selecionados para reprodução em cada linhagem é muito importante independente do critério de seleção adotado, pois eles garantem uma alta intensidade de seleção e um tamanho efetivo da população que reduza ao mínimo o incremento de endogamia. Com isso, pode-se evitar depressão das características determinantes da viabilidade da espécie, tais como a taxa reprodutiva e a mortalidade.

Para HENDERSON (1983), quanto menor o número de reprodutores utilizados na formação de uma estrutura populacional maior a importância dos processos de seleção para obtenção de um progresso genético numa determinada característica.

CUNHA et al. (2003), ao compararem razões sexuais em populações de tipos acasalamentos preferenciais de meios-irmãos e irmãos completos, acasalamentos preferenciais entre meios-irmãos, acasalamentos ao acaso, exclusão de acasalamentos entre irmãos completos e exclusão de acasalamentos de meios-irmãos e irmãos completos concluíram que quanto menor a razão sexual melhor o desempenho fenotípico de todos os tipos de acasalamento. Este comportamento pode estar associado ao acréscimo observado no tamanho da população, que se tornou, assim, o fator mais importante para resposta à seleção.

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. Obtenção dos dados

Os dados utilizados neste estudo foram obtidos por meio do programa de simulação GENESYS (versão 2009), desenvolvido por EUCLYDES (1996), em linguagem FORTRAN. Esse sistema permite a simulação de genomas de grande complexidade em nível de gene de diversas espécies, ou seja, todos os cromossomos são formados individualmente por seus genes específicos com semelhança ao que acontece em um genoma real.

3.2- Formação dos genomas

Para cada característica quantitativa estudada foi simulado separadamente um genoma semelhante ao de uma codorna de corte (*Coturnix coturnix*). Todos os genomas possuíam em comum comprimento de 900 centimorgans constituído de 200 locos quantitativos dialélicos associados à característica com distribuição normal ao longo de 39 cromossomos de tamanho aleatório com uma variação no tamanho total de 20%. O tipo de cromossomo sexual foi o ZW, seguindo padrões de uma ave. O comprimento de cada segmento cromossômico foi definido através de mapa de ligação elaborado por ROUSSOT et al. (2003). Os efeitos aditivos dos genes seguiram padrão de distribuição normal. As frequências gênicas iniciais em ambos os sexos foram iguais. A frequência inicial do alelo favorável foi simulada com média de 0,50 para ambos os sexos e sob distribuição normal. Não foi considerado nenhum efeito fixo adicional e o efeito de sexo seguiu os padrões da característica. Os efeitos de ambiente que não podem ser controlados foram atribuídos como resíduo, seguindo distribuição normal, desconsiderando qualquer

efeito de dominância ou de epistasia. Além disso, foram consideradas taxas de mutação nas proporções de 1: 1.000.000, indicando que para 1 (um) em cada 1.000.000 de genes simulados ocorrerá uma mutação.

3.3- Características avaliadas

As características foram escolhidas de acordo com a sua importância econômica dentro da produção de aves destinadas a produção carne. Entre as características avaliadas estão: peso ao abate (peso médio em gramas medido aos 35 dias de idade); mortalidade (percentagem média de animais mortos desde ao nascimento ao abate); e rendimento de carcaça (percentagem do peso da carcaça em relação ao peso ao abate em gramas).

Os valores utilizados na simulação de cada característica em questão variam de acordo com seus valores fenotípicos, desvios padrões fenotípicos, herdabilidades e o efeito de sexo conforme a tabela 1. Estes foram obtidos baseados em resultados aproximados apresentados por SILVA et al. (2013), VALI et al. (2005), CHAPUIS et al. (2006), com intuito de obter ao longo das gerações ganhos mais próximos de uma situação real.

Tabela 1- Valores dos parâmetros para cada característica simulada.

CARACTERÍSTICAS	μ_f	σ_f	h^2	DS
Peso ao abate (g)	300,0	40,0	0,30	80: 100
Rendimento de carcaça (%)	72,0	2,0	0,10	100: 90
Mortalidade (%)	8,0	0,8	0,05	100: 100

μ_f = Valores fenotípicos médios; σ_f = desvios padrão fenotípicos; h^2 = herdabilidade; e DS= Dimorfismo sexual entre machos e fêmeas.

O dimorfismo sexual existente entre machos e fêmeas seguiram o padrão da característica, sendo que o peso ao abate do macho representa 80% do peso da fêmea diante ao maior peso corporal da fêmea, rendimento de carcaça da

fêmea representa 90% do rendimento do macho diante ao menor rendimento de carcaça das fêmeas relacionado com o espaço ocupado pelo aparelho reprodutor da fêmea, e mortalidade é igual para ambos os sexos.

3.4- Estruturas populacionais

Com a formação de um genoma para cada característica em estudo foi simulada populações base que se constituíram de um total de 1200 indivíduos sendo 600 machos e 600 fêmeas. Utilizou-se de acasalamentos aleatórios para formação desta população, contudo foi desconsiderado qualquer tipo de parentesco entre os indivíduos, ou seja, o coeficiente de endogamia é igual à zero na população de fundadores. Além disso, todos os indivíduos foram considerados heterozigotos.

Com a população base formada, foram amostrados aleatoriamente e acasalados 204 machos e 204 fêmeas, gerando em média dez descendentes por casal, resultando em 2.040 indivíduos, constituindo a população inicial (população da geração zero). Nessa população, observou-se o início dos laços de parentesco entre os indivíduos.

A partir das populações iniciais os animais foram acasalados e passaram por diferentes processos de seleção, tipos de acasalamento e razões sexuais a longo prazo formando 24 cenários diferentes para cada característica avaliada. O processo de seleção ocorreu durante 20 gerações consecutivas com 10 repetições para cada geração, a fim de reduzir os efeitos da deriva gênica. Isto equivale aproximadamente a sete anos em um programa de melhoramento real de codornas de corte.

Cada cenário formado é composto pela combinação de dois métodos de seleção (SI= seleção individual e BP= BLUP), quatro razões sexuais ($D_1= 1$; $D_2= 2$; $D_3= 3$; e $D_4= 4$ fêmeas para cada macho) e três sistemas de acasalamento (RAA= Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC= Exclusão de Irmãos Completos; EICMI= Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos), conforme a tabela 2.

Tabela 2 – Estrutura dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento para cada característica analisada.

RAZÃO SEXUAL	SISTEMA DE ACASALAMENTO/ TIPOS DE SELEÇÃO					
	RAA		EIC		EICMI	
	SI	BP	SI	BP	SI	BP
D_1	SID ₁ RAA	BPD ₁ RAA	SID ₁ EIC	BPD ₁ EIC	SID ₁ EICMI	BPD ₁ EICMI
D_2	SID ₂ RAA	BPD ₂ RAA	SID ₂ EIC	BPD ₂ EIC	SID ₂ EICMI	BPD ₂ EICMI
D_3	SID ₃ RAA	BPD ₃ RAA	SID ₃ EIC	BPD ₃ EIC	SID ₃ EICMI	BPD ₃ EICMI
D_4	SID ₄ RAA	BPD ₄ RAA	SID ₄ EIC	BPD ₄ EIC	SID ₄ EICMI	BPD ₄ EICMI

SI= seleção individual; BP= BLUP; D_1 = razão sexual 1; D_2 = razão sexual 2; D_3 = razão sexual 3; D_4 = razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.

Os métodos de seleção utilizados na escolha dos indivíduos ao longo das gerações foram:

1. Seleção individual (SI) - Os indivíduos foram selecionados conforme seus valores fenotípicos
2. Melhor predição linear não- viesada (BLUP) – seleção dos indivíduos baseada na sua informação individual acrescida das informações colhidas de seus parentes, utilizando a metodologia de modelos mistos proposta por HENDERSON (1976).

As razões sexuais (D_1 , D_2 , D_3 e D_4) foram obtidas a partir da proporção entre o número de fêmeas e o número de machos, correspondendo a 204, 102, 68 e 51 machos, respectivamente, selecionados por geração, acasalados sempre com 204 fêmeas. Todas as populações em cada geração de seleção tiveram tamanho real de 2040 indivíduos, correspondendo, em média, a 10 descendentes por fêmea.

Os sistemas de acasalamento que os indivíduos selecionados foram submetidos em cada geração foram do tipo aleatório e não-aleatórios conforme representados a seguir:

1. Reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) - Os machos e fêmeas selecionados serão alocados de forma aleatória para se acasalarem;
2. Exclusão de irmãos completos (EIC) - Consiste em evitar o acasalamento de irmãos completos dentro da população selecionada;
3. Exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) - Consiste em se evitar o acasalamento entre irmãos completos e entre meio-irmãos.

3.6- Parâmetros avaliados

Para avaliar o efeito dos diferentes métodos de seleção, tipos de acasalamento e razão sexual ao longo das gerações foram utilizados os seguintes parâmetros ao longo das gerações:

1. Valor fenotípico – é a soma dos valores genéticos acrescidos aos efeitos de ambiente que incidem em cada indivíduo.
2. Coeficiente médio de endogamia – calculado em função dos acasalamentos entre indivíduos aparentados dentro da população.

3. Fixação de alelos favoráveis e alelos desfavoráveis – proporção, em %, medida a partir da relação entre número locos favoravelmente fixados ou o número locos desfavoravelmente fixados em função do total de locos quantitativos em uma determinada característica.
4. Limite de seleção – valor definido a partir da probabilidade de obter um valor genético máximo quando ocorre a fixação de todos os alelos favoráveis.

Estes parâmetros estão descritos mais detalhadamente por CARNEIRO (1998) e serviram para definir quais cenários de melhor desempenho para cada característica avaliada. Os valores dos mesmos são considerados médios, pois são obtidos a partir da soma do valor do parâmetro em cada animal dividido pelo respectivo número de animais presente na geração. Além disso, o número de repetições em cada geração deve ser considerado e o valor do parâmetro também foi somado e dividido por número de repetições para representar um valor único (médio).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1- Valores fenotípicos

Verifica-se nas tabelas 3, 4 e 5 os resultados dos valores fenotípicos médios, obtidos na primeira, quinta, 10^a, 15^a e 20^a gerações de seleção, para a característica peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade, respectivamente. Cada uma contém valores de 24 cenários obtidos pela combinação de dois métodos seleção (SI= Individual e BP= BLUP), quatro razões sexuais ($D_1= 1$; $D_2= 2$; $D_3= 3$; e $D_4= 4$) e três sistemas de acasalamento (RAA= Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC= Exclusão de Irmãos Completos; EICMI= Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos). Os resultados também são representados graficamente, separados de acordo com as razões sexuais, demonstrando o comportamento dos valores, conforme nas figuras 1, 2 e 3.

Observou-se que independentemente do cenário, os valores fenotípicos médios encontrados para a característica peso ao abate foram crescentes e sem quedas, ao longo das gerações. Os gráficos (1a), (1b), (1c) e (1d) da figura 1, demonstram que os resultados nas primeiras gerações (1^a a 5^a) tiveram pequenas variações, sendo esses, maiores para a seleção baseada nos fenótipos individuais (SI). Ao final da 20^a geração, de maneira geral os cenários contendo o BLUP foram superiores, demonstrando uma maior eficiência na escolha dos indivíduos. Semelhantemente este comportamento foi observado por QUINTON et al. (1992), JEYARUBAN et al. (1995), EUCLYDES (1996) e CARNEIRO et al. (2002). Na seleção baseada nos valores fenotípicos individuais (SI) ao longo das gerações, encontraram-se valores fenotípicos médios mais homogêneos que o BLUP, entre os cenários de razão sexuais e sistemas de acasalamento diferentes, no decorrer do tempo. Porém merecem destaque os cenários que interferem no

controle da endogamia (EIC e EICMI), principalmente na seleção baseada no BLUP. Em relação às razões sexuais (D_1 , D_2 , D_3 e D_4), existem aparentemente pouco efeito para essa característica com o aumento da proporção de fêmeas em relação a machos no valor fenotípico, ao longo do tempo.

Tabela 3 – Valores fenotípicos médios, em gramas, dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica peso ao abate.

Cenários	1ª ger.	5ª ger.	10ª ger.	15ª ger.	20ª ger.	Classificação ¹
SID ₁ RAA	301	381	468	530	574	23 ^o
SID ₁ EIC	305	389	471	529	566	24 ^o
SID ₁ EICMI	314	399	484	546	591	21 ^o
BPD ₁ RAA	311	401	493	560	603	10 ^o
BPD ₁ EIC	312	409	504	567	604	9 ^o
BPD ₁ EICMI	308	420	517	579	612	6 ^o
SID ₂ RAA	303	390	487	553	595	15 ^o
SID ₂ EIC	309	399	488	547	583	22 ^o
SID ₂ EICMI	308	405	498	559	594	18 ^o
BPD ₂ RAA	298	387	495	576	622	3 ^o
BPD ₂ EIC	292	391	498	575	623	2 ^o
BPD ₂ EICMI	290	405	501	561	594	17 ^o
SID ₃ RAA	309	409	506	570	606	8 ^o
SID ₃ EIC	306	406	500	560	596	14 ^o
SID ₃ EICMI	315	408	499	560	598	12 ^o
BPD ₃ RAA	292	384	493	565	609	7 ^o
BPD ₃ EIC	298	390	506	578	615	5 ^o
BPD ₃ EICMI	287	410	519	588	623	1 ^o
SID ₄ RAA	307	398	493	555	593	19 ^o
SID ₄ EIC	309	410	504	564	602	11 ^o
SID ₄ EICMI	314	407	501	559	592	20 ^o
BPD ₄ RAA	293	381	493	568	617	4 ^o
BPD ₄ EIC	276	402	501	564	597	13 ^o
BPD ₄ EICMI	282	397	495	559	595	16 ^o

SI= seleção individual; BP= BLUP; D_1 = razão sexual 1; D_2 = razão sexual 2; D_3 = razão sexual 3; D_4 = razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmão; ¹ = ordem decrescente da 20ª geração.

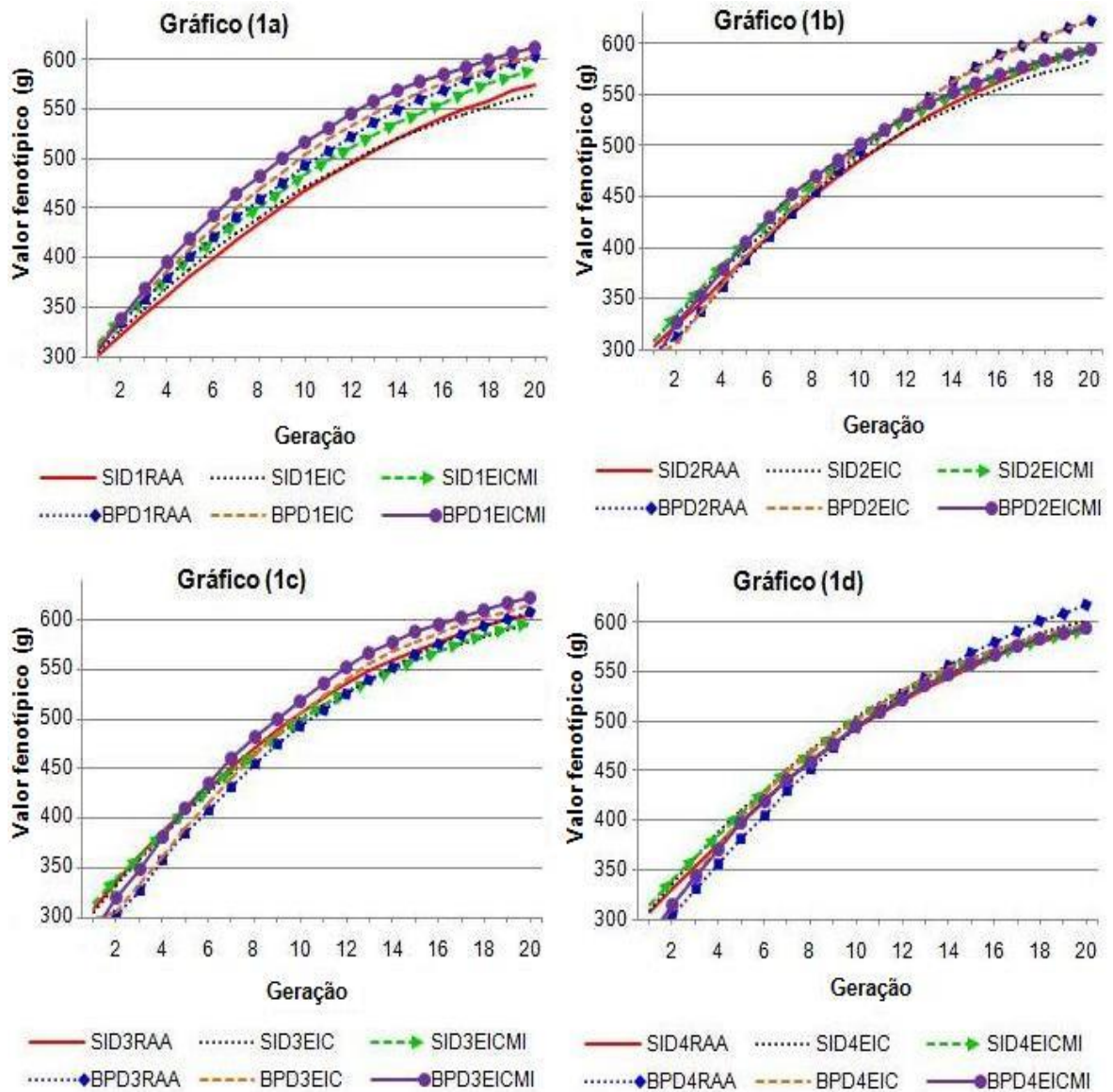


FIGURA 1: Valores fenotípicos médios, em gramas, da característica peso ao abate sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráfico 1a), D_2 (gráfico 1b), D_3 (gráfico 1c) e D_4 (gráfico 1d), ao longo de 20 gerações.

WEY et al. (1996) ao avaliarem o desempenho da seleção individual, índice de seleção e BLUP ao longo de gerações, concluíram que quanto maior a acurácia, proveniente do uso da informação de indivíduos da mesma família nos processos de seleção, maior a resposta a seleção em curto prazo. No entanto, em longo prazo há uma redução nas respostas a seleção causada pelo aumento da taxa de endogamia.

A tabela 4 apresenta os resultados dos valores fenotípicos, ao longo das gerações, para a característica rendimento de carcaça. De um modo geral, os resultados no final da 20ª geração foram superiores para os cenários que utilizam o método BLUP. Os gráficos da figura 2 demonstram superioridade em tendência principalmente dos cenários que excluíram acasalamentos entre irmãos (EICMI e EIC). Entre os principais estão os BPD₁EICMI e BPD₃EICMI. Quanto aos cenários que utilizam seleção individual o maior rendimento foi o SID₃EIC, que possui proporção de três machos por fêmea e exclui o acasalamento entre irmãos-completos (EIC).

Trabalhando com uma característica de herdabilidade igual à estudada (0,10) e avaliando o desempenho de diferentes tipos de acasalamentos, CUNHA et al. (2004) relataram que os melhores resultados quanto aos valores fenotípicos foram aqueles que excluíram acasalamento entre irmãos.

O comportamento dos valores fenotípicos médios da característica mortalidade está descrito na figura 3 (gráficos 3a, 3b, 3c e 3d) separada de acordo com a razão sexual, ao longo de 20 gerações. Observam-se nitidamente dois grupos distintos formados por seleção individual e BLUP independente dos sistemas de acasalamento e razão sexual dos indivíduos. Quando se comparou os resultados dos valores fenotípicos médios das diferentes proporções de fêmea para macho e sistemas de acasalamento, observou-se que as razões sexuais D₃ e D₄ e o acasalamento com exclusão de irmãos (EICMI e EIC) foram as que possuem os melhores cenários (BPD₃EIC, BPD₃EICMI e BPD₄EIC).

Resultados similares foram obtidos por CARNEIRO et al. (2002), ao comparar o efeito dos métodos de seleção em longo prazo em tamanhos diferentes de população, encontraram que a seleção baseada no BLUP apresenta

resposta superior a seleção individual, independente do tamanho da população avaliada. No entanto, os resultados sofrem variações devido à existência de oscilações genéticas durante as gerações de seleção. Por sua vez, CABALLERO et al. (1996) ao compararem métodos de seleção, concluíram que a utilização da informação de parentes (BLUP) ao selecionar características de baixa herdabilidade é uma excelente alternativa para aumentar as respostas a seleção.

Tabela 4 – Valores fenotípicos médios, em porcentagem, dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica rendimento de carcaça.

Cenários	1ª ger.	5ª ger.	10ª ger.	15ª ger.	20ª ger.	Classificação ¹
SID ₁ RAA	72,271	73,274	74,460	75,500	76,362	24 ^o
SID ₁ EIC	72,362	73,426	74,660	75,829	76,961	18 ^o
SID ₁ EICMI	72,197	73,236	74,543	75,703	76,680	23 ^o
BPD ₁ RAA	72,498	73,840	75,356	76,573	77,525	11 ^o
BPD ₁ EIC	72,500	73,963	75,475	76,654	77,481	13 ^o
BPD ₁ EICMI	72,463	73,953	75,566	77,046	78,252	1 ^o
SID ₂ RAA	72,276	73,449	74,755	75,931	76,905	19 ^o
SID ₂ EIC	72,281	73,519	74,879	76,051	77,034	16 ^o
SID ₂ EICMI	72,339	73,497	74,762	75,888	76,786	22 ^o
BPD ₂ RAA	71,974	73,936	75,539	76,916	77,893	6 ^o
BPD ₂ EIC	72,078	73,719	75,480	76,759	77,549	10 ^o
BPD ₂ EICMI	72,320	73,884	75,686	77,058	77,887	7 ^o
SID ₃ RAA	72,242	73,529	74,870	75,981	76,824	21 ^o
SID ₃ EIC	72,398	73,584	74,958	76,327	77,500	12 ^o
SID ₃ EICMI	72,217	73,523	74,873	75,971	76,851	20 ^o
BPD ₃ RAA	72,207	73,982	75,858	77,283	78,132	3 ^o
BPD ₃ EIC	72,462	74,330	76,005	77,254	77,996	4 ^o
BPD ₃ EICMI	72,454	74,368	76,194	77,438	78,167	2 ^o
SID ₄ RAA	72,452	73,711	75,052	76,152	76,988	17 ^o
SID ₄ EIC	72,286	73,661	75,042	76,158	77,038	15 ^o
SID ₄ EICMI	72,451	73,761	75,194	76,463	77,448	14 ^o
BPD ₄ RAA	72,262	74,051	75,694	76,907	77,674	9 ^o
BPD ₄ EIC	72,174	74,043	75,772	77,106	77,962	5 ^o
BPD ₄ EICMI	72,155	73,878	75,776	77,055	77,740	8 ^o

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA= Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC= Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI= Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos; ¹= ordem decrescente da 20ª geração.

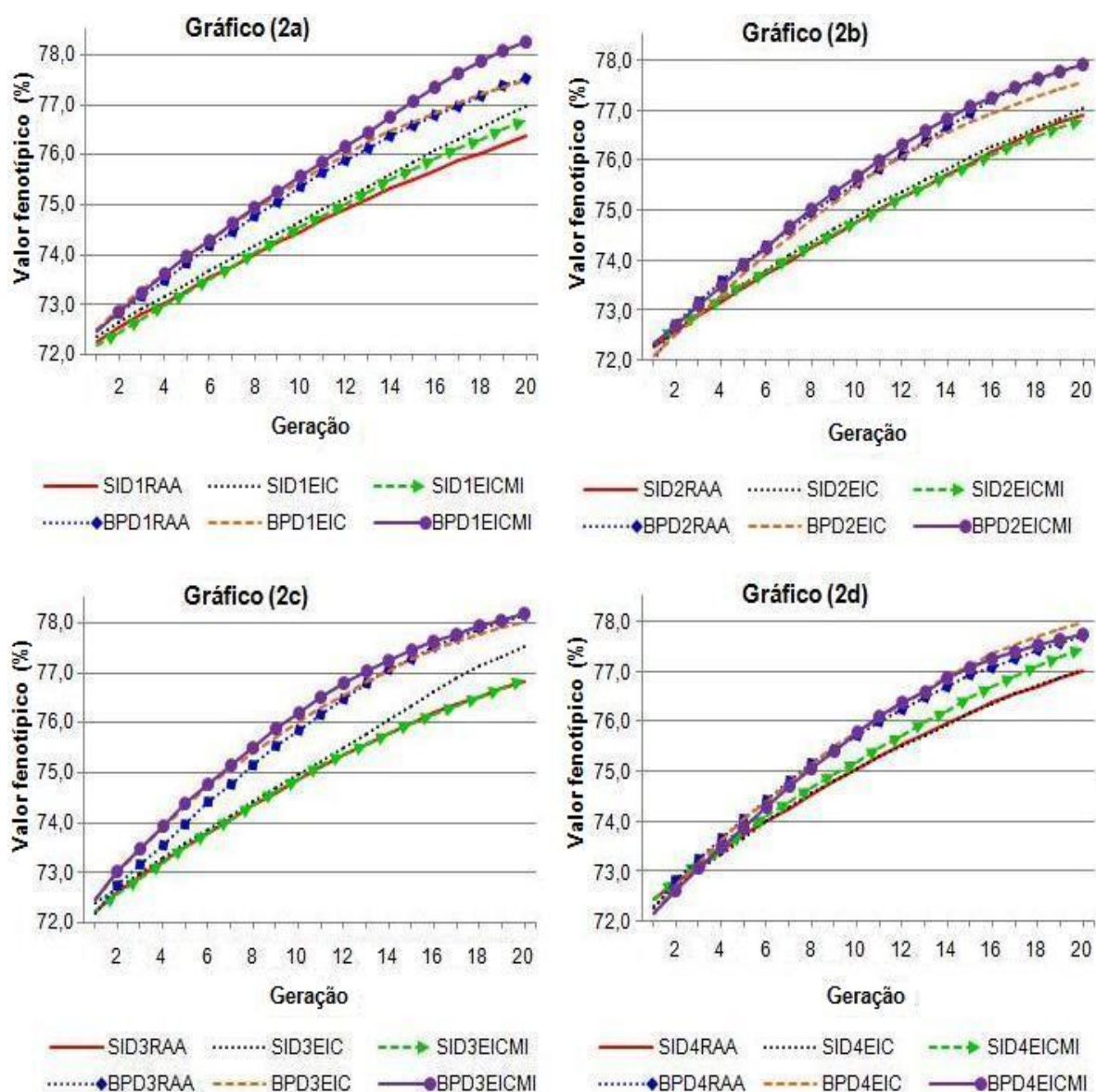


FIGURA 2: Valores fenotípicos médios, em porcentagem, da característica rendimento de carcaça sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D₁ (gráfico 2a), D₂ (gráfico 2b), D₃ (gráfico 2c) e D₄ (gráfico 2d), ao longo de 20 gerações.

Ao analisar os gráficos das figuras 1, 2 e 3, encontrou-se influência direta da herdabilidade no valor fenotípico médio das características, devido aos maiores ganhos genéticos proporcionados, ao longo das gerações, para peso ao abate ($h^2 = 0,30$), seguidos de rendimento de carcaça ($h^2 = 0,10$) e mortalidade ($h^2 = 0,05$), respectivamente. Com isso, quanto menor o valor da herdabilidade maior eficácia do método BLUP em prever o valor genético do indivíduo

comparado à seleção individual, independente da proporção de fêmeas para machos e formas de acasalamentos dentro da população.

De acordo com VERRIER et al. (1993), quanto menor a herdabilidade da característica, o uso do BLUP proporciona maior ganho genético ao longo das gerações pois utiliza informações dos parentes com intuito de aumentar a acurácia das avaliações genéticas.

Tabela 5 – Valores fenotípicos médios, em porcentagem, dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica mortalidade.

Cenários	1ª ger.	5ª ger.	10ª ger.	15ª ger.	20ª ger.	Classificação ¹
SID ₁ RAA	7,9541	7,7468	7,4869	7,2587	7,0584	24 ^o
SID ₁ EIC	7,9177	7,7114	7,4638	7,2408	7,0440	23 ^o
SID ₁ EICMI	7,9243	7,7122	7,4545	7,2166	6,9979	22 ^o
BPD ₁ RAA	7,9175	7,6443	7,3111	6,9949	6,7511	12 ^o
BPD ₁ EIC	7,9051	7,5749	7,2169	6,9062	6,6757	10 ^o
BPD ₁ EICMI	7,8655	7,5781	7,2134	6,9165	6,6859	11 ^o
SID ₂ RAA	7,9158	7,6912	7,4128	7,1762	6,9493	20 ^o
SID ₂ EIC	7,9522	7,6960	7,3915	7,1264	6,8715	15 ^o
SID ₂ EICMI	7,9755	7,7372	7,4677	7,2145	6,9790	21 ^o
BPD ₂ RAA	7,9915	7,6076	7,1913	6,8588	6,5799	5 ^o
BPD ₂ EIC	7,9947	7,6146	7,1902	6,8453	6,5863	6 ^o
BPD ₂ EICMI	8,0102	7,6247	7,1800	6,8454	6,5884	7 ^o
SID ₃ RAA	7,9308	7,6727	7,3825	7,1415	6,9210	19 ^o
SID ₃ EIC	7,9215	7,6752	7,3828	7,1085	6,9021	17 ^o
SID ₃ EICMI	7,9184	7,6480	7,3489	7,0938	6,8566	14 ^o
BPD ₃ RAA	8,0018	7,5268	7,1173	6,8075	6,5902	8 ^o
BPD ₃ EIC	8,0093	7,5942	7,1447	6,7953	6,5405	1 ^o
BPD ₃ EICMI	7,9918	7,5943	7,1437	6,7901	6,5407	2 ^o
SID ₄ RAA	7,9102	7,6591	7,3755	7,1172	6,8893	16 ^o
SID ₄ EIC	8,0003	7,7441	7,4335	7,1573	6,9160	18 ^o
SID ₄ EICMI	7,9038	7,6485	7,3466	7,0841	6,8538	13 ^o
BPD ₄ RAA	7,9736	7,5328	7,1110	6,7880	6,5694	4 ^o
BPD ₄ EIC	7,9857	7,5170	7,0874	6,7706	6,5410	3 ^o
BPD ₄ EICMI	8,0107	7,5626	7,1262	6,8303	6,6619	9 ^o

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos; ¹= ordem decrescente da 20ª geração.

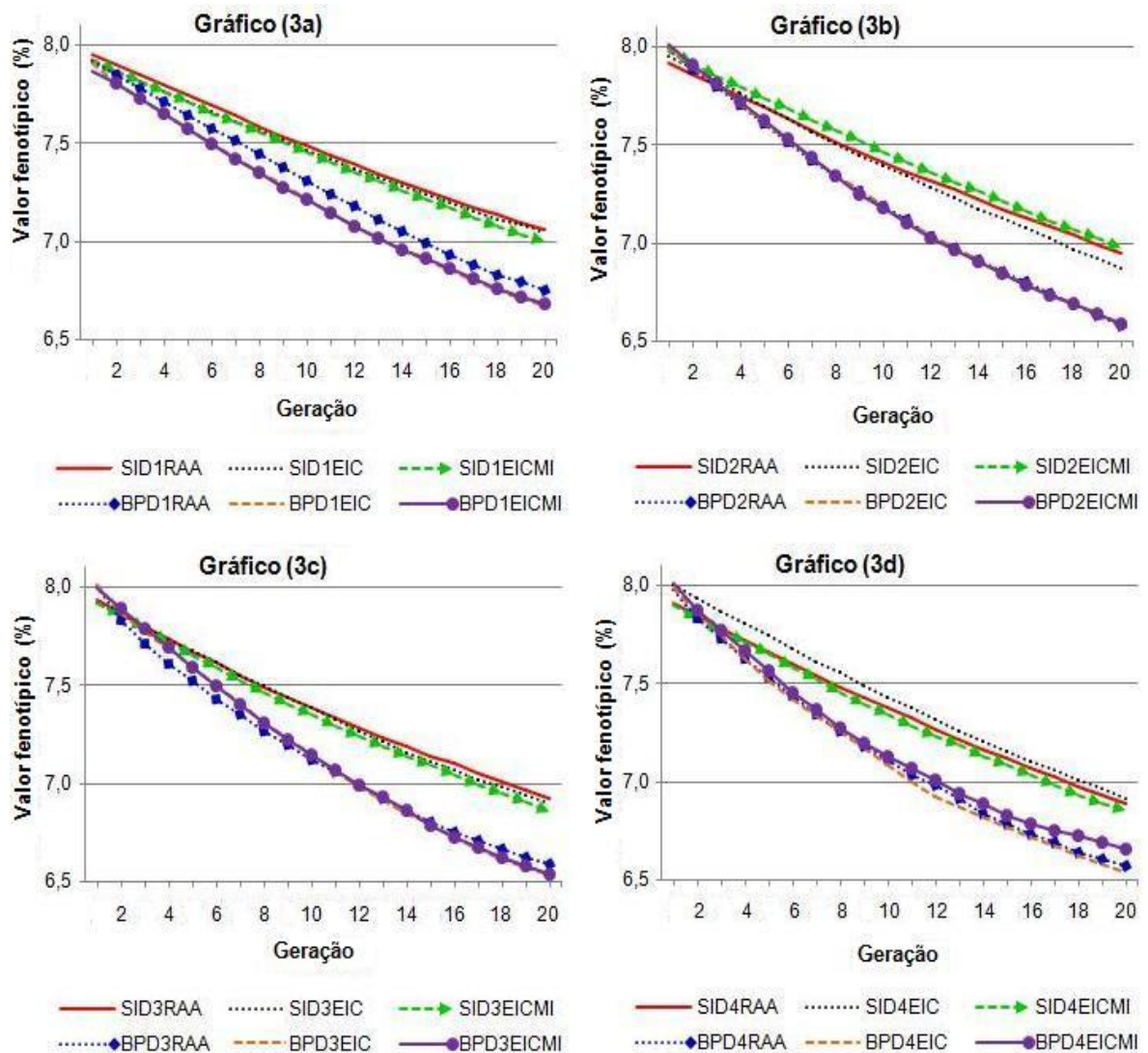


FIGURA 3: Valores fenotípicos médios, em porcentagem, da característica mortalidade sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráfico 3a), D_2 (gráfico 3b), D_3 (gráfico 3c) e D_4 (gráfico 3d), ao longo de 20 gerações.

4.2- Coeficientes médios de endogamia

Os coeficientes médios de endogamia quando se seleciona para as características peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade, obtidos ao decorrer de 20 gerações, selecionadas através de cenários incluindo diferentes métodos de seleção (SI e BLUP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais (D_1 , D_2 , D_3 e D_4), estão contidos nas tabelas 6, 7 e 8, respectivamente. Esses resultados também, estão representados nos gráficos (a),

(b), (c) e (d) das figuras 4, 5 e 6, sendo estas divididas em quatro razões sexuais de populações de 204: 204, 204: 102, 204: 68 e 204: 51 fêmeas em relação a machos.

Tabela 6 – Coeficientes médios de endogamia dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações quando se seleciona para a característica peso ao abate.

Cenários	1ª ger.	5ª ger.	10ª ger.	15ª ger.	20ª ger.	Classificação ¹
SID ₁ RAA	0,0000	0,0100	0,0196	0,0297	0,0384	1º
SID ₁ EIC	0,0023	0,0108	0,0226	0,0319	0,0414	3º
SID ₁ EICMI	0,0002	0,0099	0,0215	0,0319	0,0402	2º
BPD ₁ RAA	0,0010	0,0384	0,0781	0,1112	0,1430	12º
BPD ₁ EIC	0,0003	0,0270	0,0670	0,0998	0,1287	11º
BPD ₁ EICMI	0,0060	0,0233	0,0570	0,0949	0,1252	10º
SID ₂ RAA	0,0081	0,0195	0,0347	0,0492	0,0576	6º
SID ₂ EIC	0,0002	0,0136	0,0296	0,0437	0,0554	4º
SID ₂ EICMI	0,0000	0,0129	0,0305	0,0445	0,0569	5º
BPD ₂ RAA	0,0023	0,0467	0,1260	0,1820	0,2253	8º
BPD ₂ EIC	0,0019	0,0507	0,1041	0,1522	0,1975	9º
BPD ₂ EICMI	0,0294	0,0544	0,1021	0,1633	0,2218	7º
SID ₃ RAA	0,0011	0,0174	0,0369	0,0545	0,0713	8º
SID ₃ EIC	0,0005	0,0196	0,0400	0,0584	0,0743	9º
SID ₃ EICMI	0,0000	0,0154	0,0350	0,0521	0,0675	7º
BPD ₃ RAA	0,0014	0,0704	0,1759	0,2363	0,2974	21º
BPD ₃ EIC	0,0025	0,0646	0,1362	0,1992	0,2693	20º
BPD ₃ EICMI	0,0019	0,0614	0,1398	0,2036	0,2633	19º
SID ₄ RAA	0,0000	0,0200	0,0417	0,0649	0,0833	11º
SID ₄ EIC	0,0000	0,0212	0,0455	0,0664	0,0866	12º
SID ₄ EICMI	0,0000	0,0156	0,0387	0,0606	0,0788	10º
BPD ₄ RAA	0,0013	0,0852	0,1761	0,2641	0,3423	24º
BPD ₄ EIC	0,0051	0,0798	0,1601	0,2355	0,2967	22º
BPD ₄ EICMI	0,0023	0,0760	0,1570	0,2293	0,3038	23º

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos; ¹= ordem crescente da 20ª geração.

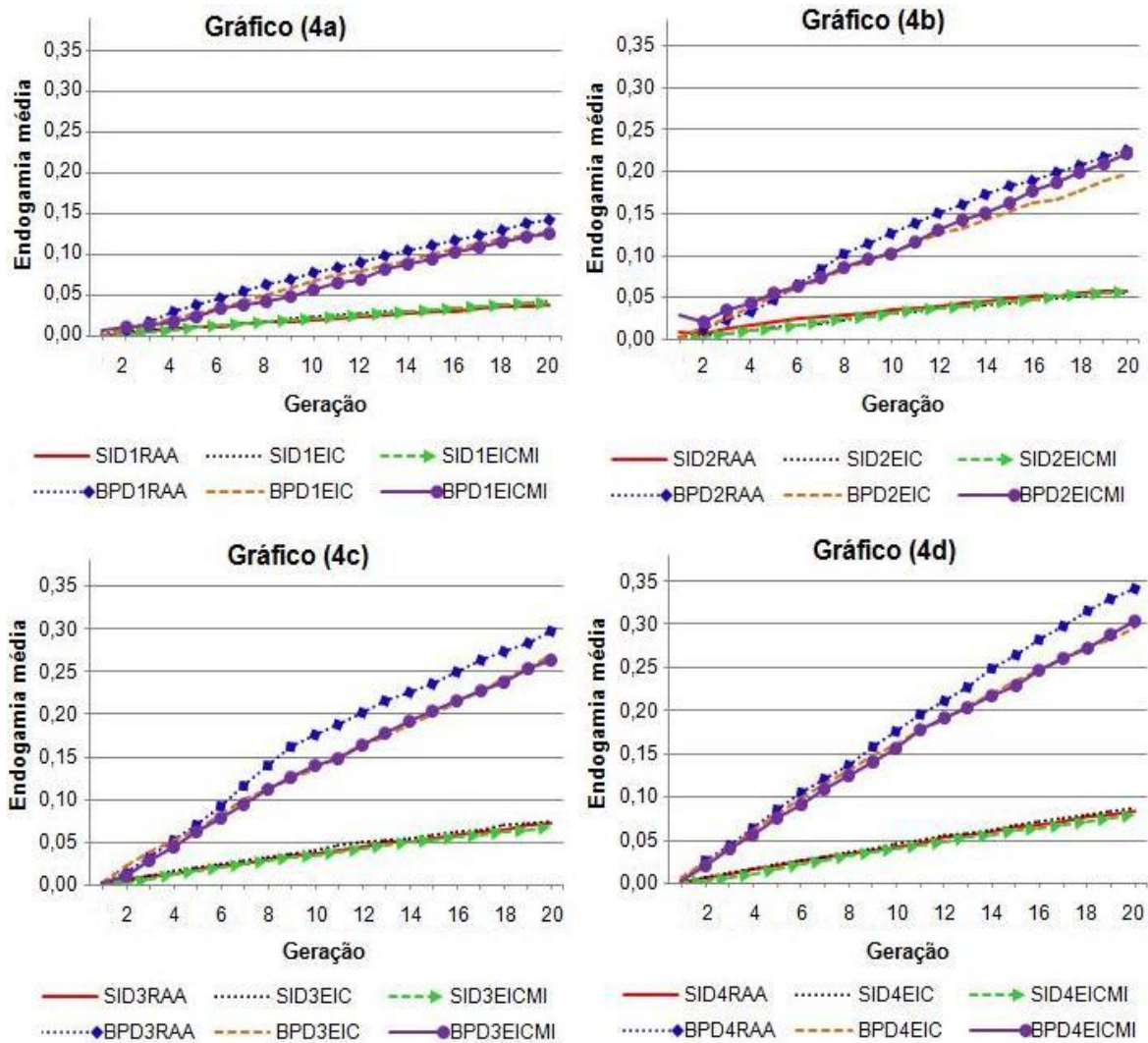


FIGURA 4: Coeficientes médios de endogamia quando se seleciona para a característica peso ao abate sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráfico 4a), D_2 (gráfico 4b), D_3 (gráfico 4c) e D_4 (gráfico 4d), ao longo de 20 gerações.

Através da análise dos tabelas 6, 7 e 8, observou-se uma tendência crescente e acumulativa dos coeficientes de endogamia no decorrer das gerações, em todos os processos seletivos, por se tratar de uma população fechada, sem inclusão de indivíduos não aparentados. Nota-se que nos diferentes cenários, as taxas de aumento e valores endogâmicos médios são menores para a seleção individual em relação ao método BLUP, sendo possível distinguir nitidamente dois grupos de métodos de seleção, independente dos sistemas de acasalamento e razões sexuais. Resultados esperados, uma vez que o método

BLUP seleciona indivíduos mais aparentados conduzindo a maiores valores de consanguinidade (JEYRUBAN et al., 1995; QUINTON et al., 1992; MUIR, 2000). Além disso, existe uma maior similaridade entre os valores genéticos dos indivíduos aparentados, levando a maiores incrementos na taxa de endogamia utilizando informações de parentesco e individuais na seleção dos indivíduos (QUEIROZ et al., 2000).

Tabela 7 – Coeficientes médios de endogamia dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações quando se seleciona para a característica rendimento de carcaça.

Cenários	1ª ger.	5ª ger.	10ª ger.	15ª ger.	20ª ger.	Classificação ¹
SID ₁ RAA	0,0000	0,0091	0,0170	0,0263	0,0328	2º
SID ₁ EIC	0,0002	0,0073	0,0164	0,0253	0,0328	3º
SID ₁ EICMI	0,0000	0,0062	0,0158	0,0245	0,0326	1º
BPD ₁ RAA	0,0009	0,0277	0,0643	0,0963	0,1252	15º
BPD ₁ EIC	0,0014	0,0296	0,0590	0,0885	0,1147	13º
BPD ₁ EICMI	0,0008	0,0194	0,0538	0,0852	0,1161	14º
SID ₂ RAA	0,0011	0,0110	0,0234	0,0358	0,0475	5º
SID ₂ EIC	0,0002	0,0100	0,0251	0,0368	0,0477	6º
SID ₂ EICMI	0,0002	0,0093	0,0230	0,0355	0,0473	4º
BPD ₂ RAA	0,0034	0,0695	0,1132	0,1724	0,2117	18º
BPD ₂ EIC	0,0037	0,0532	0,1131	0,1611	0,2091	16º
BPD ₂ EICMI	0,0013	0,0400	0,0965	0,1447	0,1948	7º
SID ₃ RAA	0,0000	0,0137	0,0310	0,0471	0,0597	9º
SID ₃ EIC	0,0000	0,0140	0,0295	0,0470	0,0619	8º
SID ₃ EICMI	0,0000	0,0121	0,0300	0,0460	0,0614	21º
BPD ₃ RAA	0,0011	0,0642	0,1467	0,2116	0,2774	20º
BPD ₃ EIC	0,0047	0,0488	0,1181	0,1911	0,2499	19º
BPD ₃ EICMI	0,0007	0,0602	0,1317	0,1952	0,2490	12º
SID ₄ RAA	0,0023	0,0185	0,0383	0,0569	0,0738	11º
SID ₄ EIC	0,0000	0,0180	0,0379	0,0562	0,0728	10º
SID ₄ EICMI	0,0002	0,0143	0,0345	0,0538	0,0701	24º
BPD ₄ RAA	0,0154	0,0804	0,1712	0,2505	0,3239	23º
BPD ₄ EIC	0,0009	0,0566	0,1596	0,2445	0,3114	22º
BPD ₄ EICMI	0,0002	0,0567	0,1427	0,2217	0,2822	2º

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos; ¹= ordem crescente da 20ª geração.

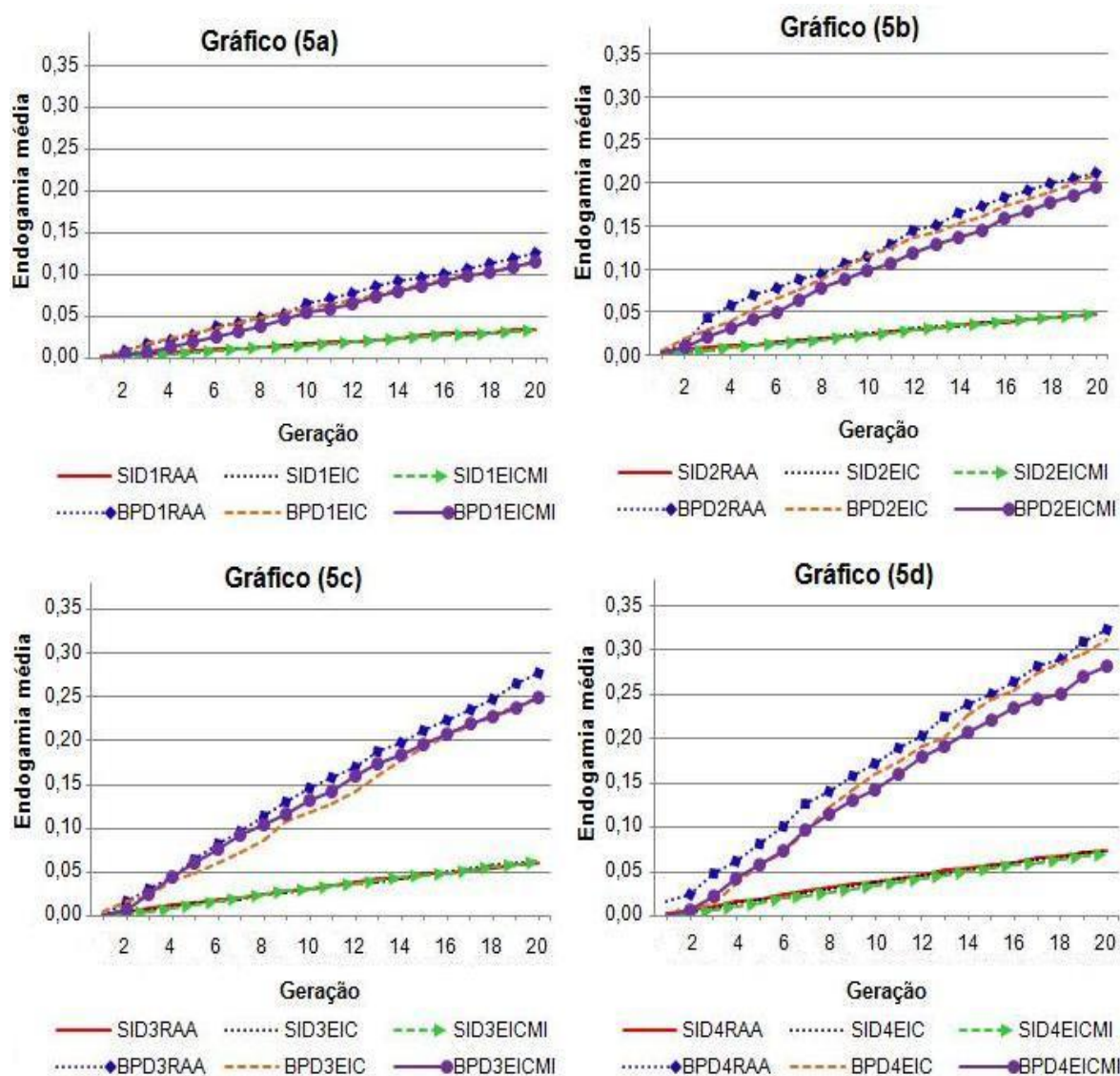


FIGURA 5: Coeficientes médios de endogamia quando se seleciona para a característica rendimento de carcaça sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráfico 5a), D_2 (gráfico 5b), D_3 (gráfico 5c) e D_4 (gráfico 5d), ao longo de 20 gerações.

Ao comparar as razões sexuais para as características em questão (peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade), observou-se que quanto maior o número de fêmeas em relação a machos maiores os coeficientes de endogamia, principalmente para a seleção utilizando o BLUP, uma vez que dentro da seleção individual os aumentos foram pequenos entre eles, ao longo das gerações.

CUNHA et al. (2003), visando determinar o nível de endogamia de animais selecionados através do método BLUP submetidos a diferentes sistemas de

acasalamento e razões sexuais, concluíram que em populações que utilizam intensamente seus reprodutores (razão sexual abaixo de 10 fêmeas por macho), como na avicultura, o uso de acasalamentos que impede o cruzamentos de animais aparentados é de suma importância no controle da endogamia da população ao longo das gerações.

Tabela 8 – Coeficientes médios de endogamia dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações quando se seleciona para a característica mortalidade.

Cenários	1 ^a ger.	5 ^a ger.	10 ^a ger.	15 ^a ger.	20 ^a ger.	Classificação ¹
SID ₁ RAA	0,0010	0,0078	0,0147	0,0255	0,0302	3 ^o
SID ₁ EIC	0,0000	0,0064	0,0143	0,0221	0,0284	1 ^o
SID ₁ EICMI	0,0000	0,0061	0,0132	0,0204	0,0288	2 ^o
BPD ₁ RAA	0,0074	0,0262	0,0528	0,0862	0,1103	15 ^o
BPD ₁ EIC	0,0013	0,0246	0,0489	0,0790	0,1054	13 ^o
BPD ₁ EICMI	0,0019	0,0224	0,0571	0,0821	0,1088	14 ^o
SID ₂ RAA	0,0011	0,0085	0,0214	0,0308	0,0425	6 ^o
SID ₂ EIC	0,0000	0,0091	0,0205	0,0312	0,0414	4 ^o
SID ₂ EICMI	0,0000	0,0081	0,0189	0,0307	0,0414	5 ^o
BPD ₂ RAA	0,0010	0,0389	0,0960	0,1446	0,1928	18 ^o
BPD ₂ EIC	0,0022	0,0463	0,0973	0,1384	0,1742	16 ^o
BPD ₂ EICMI	0,0017	0,0364	0,0906	0,1339	0,1755	17 ^o
SID ₃ RAA	0,0011	0,0132	0,0291	0,0417	0,0558	8 ^o
SID ₃ EIC	0,0001	0,0119	0,0272	0,0414	0,0563	9 ^o
SID ₃ EICMI	0,0000	0,0107	0,0251	0,0388	0,0528	7 ^o
BPD ₃ RAA	0,0025	0,0735	0,1371	0,2012	0,2566	20 ^o
BPD ₃ EIC	0,0027	0,0671	0,1424	0,2076	0,2644	21 ^o
BPD ₃ EICMI	0,0008	0,0450	0,1197	0,1895	0,2564	19 ^o
SID ₄ RAA	0,0010	0,0158	0,0331	0,0496	0,0671	11 ^o
SID ₄ EIC	0,0001	0,0137	0,0324	0,0496	0,0674	12 ^o
SID ₄ EICMI	0,0001	0,0134	0,0312	0,0477	0,0661	10 ^o
BPD ₄ RAA	0,0021	0,0800	0,1819	0,2587	0,3354	24 ^o
BPD ₄ EIC	0,0004	0,0801	0,1572	0,2390	0,3129	22 ^o
BPD ₄ EICMI	0,0002	0,0751	0,1640	0,2539	0,3244	23 ^o

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos; ¹= ordem crescente da 20^a geração.

Para todas as combinações, quando se comparou as herdabilidades das características, encontrou-se que o valor de endogamia médio foi um pouco maior

na herdabilidade de peso ao abate ($h^2= 0,30$) do que as em rendimento de carcaça ($h^2= 0,10$) e mortalidade ($h^2= 0,05$), sendo os coeficientes das últimas semelhantes entre si, ao longo das gerações (Tabelas 6, 7 e 8).

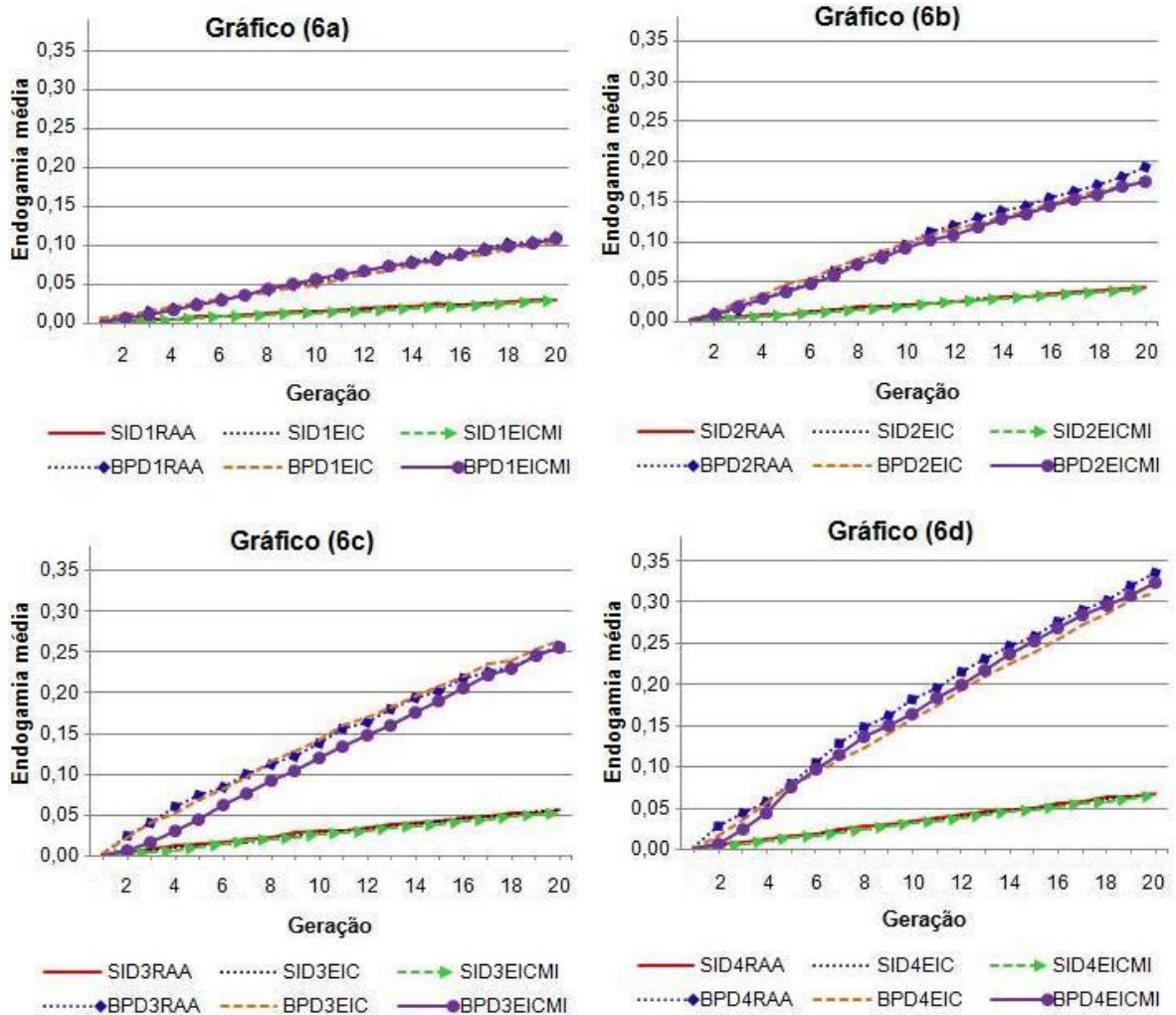


FIGURA 6: Coeficientes médios de endogamia quando se seleciona para a característica mortalidade sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráfico 6a), D_2 (gráfico 6b), D_3 (gráfico 6c) e D_4 (gráfico 6d), ao longo de 20 gerações.

Ao avaliar os níveis de endogamia nos diferentes sistemas de acasalamento, de um modo geral, os cruzamentos dos indivíduos excluindo irmãos completos e meio-irmãos (EICMI) e o cruzamento que exclui irmãos-completos (EIC) apresentaram menores níveis de endogamia em relação acasalamento dos reprodutores ao acaso (RAA), independente da razão sexual, método de seleção e a herdabilidade da característica. Vários autores

comprovaram que evitar acasalamento entre parentes pode reduzir a endogamia (CABALLERO et al., 1996; QUINTON et al., 1992; WANG, 1997). Além disso, de acordo com os gráficos das figuras 4, 5 e 6, todos os cenários contendo a seleção individual (SI), tiveram resultados bem homogêneos sem distinção nítida entre os endogâmicos, quanto às formas de acasalamento dos indivíduos. Diferentemente, os cenários baseados nos valores individuais acrescidos da informação de seus parentes (BLUP), estão com uma maior dispersão dos valores, principalmente dos indivíduos acasalados ao acaso (RAA) em relação aos demais métodos (EIC e EICMI), com exceção da característica mortalidade que teve maior equivalência nos valores, ao longo das gerações.

De forma parecida, com dados simulados, CARNEIRO et al. (2007), ao avaliarem o efeito dos sistemas de seleção e formas de acasalamento no incremento da endogamia, concluíram que os sistemas de acasalamento que excluem o acasalamento entre irmãos (EIC e EICMI) proporcionam menor incremento da endogamia. Além disso, a resposta a seleção em longo prazo do método BLUP tradicional ou com informações moleculares reduziram em virtude do grande incremento de endogamia, devido à fixação de alelos em ambos os sentidos (favoráveis e desfavoráveis).

Ao analisar o efeito do parentesco dos indivíduos em uma população fechada de codornas de postura, YERTURK et al. (2008) observaram que houve aumento da mortalidade dos animais, devido a taxas crescentes de endogamia na população no decorrer de dez anos de seleção. Todavia, QUEIROZ et al. (2000) e SANTANA & JOSAHKIAN (2011) conduziram trabalhos que relacionam as perdas de ganhos de peso, mortalidade e fertilidade dos indivíduos com o efeito da depressão causada pelo alto nível de endogamia.

4.3 - Fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis

O comportamento dos valores percentuais de alelos favoráveis fixados e de alelos desfavoráveis fixados das características peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade, por geração, em populações selecionadas através de cenários contendo diferentes métodos de seleção, tipos de acasalamento e proporção fêmea em relação a machos, respectivamente, podem ser vistos nas figuras 7, 8 e 9. Estas foram divididas em gráficos, contendo alelos favoráveis (gráficos 7, 9 e 11) e alelos desfavoráveis (gráficos 8, 10 e 12), os quais estão dispostos em razões sexuais diferentes (D_1 - gráficos a; D_2 - gráficos b; D_3 - gráficos c; e D_4 - gráficos d).

De um modo geral, verificou-se aumento nas taxas de fixação de alelos, para as todas as características em questão, tanto no sentido favorável quanto desfavorável, independente dos métodos de seleção, sistemas de acasalamentos e razões sexuais. No entanto, existem situações que percentagem de alelos fixados foi nula, e em outros casos, manteve-se constante ao longo das gerações (figuras 7, 8 e 9).

Ao comparar às razões sexuais D_1 , D_2 , D_3 e D_4 para as características estudadas, encontrou-se que à medida que aumenta a razão sexual, aumenta também o percentual de alelos fixados, tanto favoráveis quanto desfavoráveis, em função do aumento do grau de parentesco dentro da população. No entanto, existe uma maior proximidade dos valores de alelos favoráveis nas proporções sexuais D_3 e D_4 em relação às demais razões, ao longo das gerações.

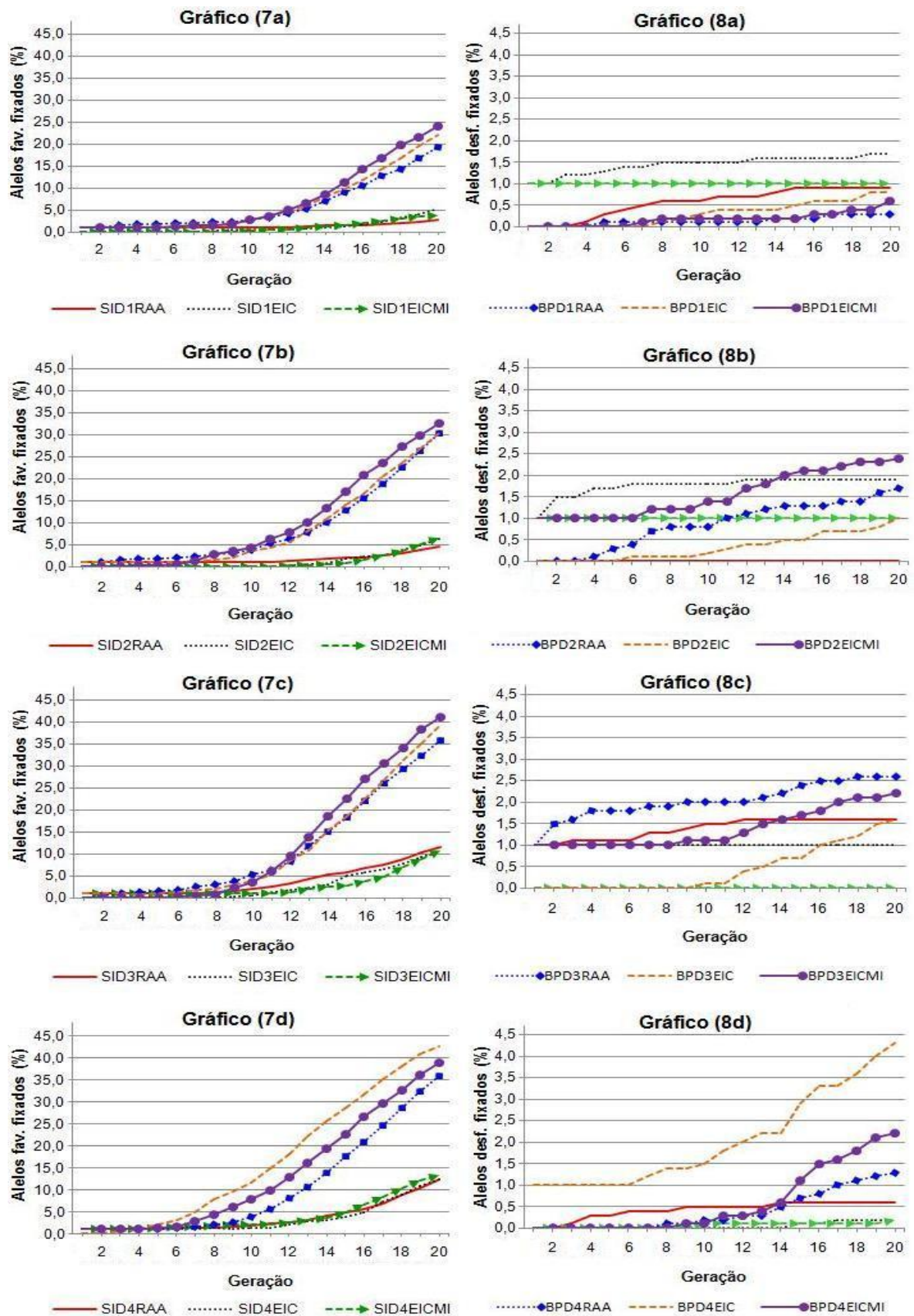


FIGURA 7: Percentagem de alelos favoráveis (gráficos 7) e desfavoráveis (gráficos 8) fixados para a característica peso ao abate sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráficos a), D_2 (gráficos b), D_3 (gráficos c) e D_4 (gráficos d).

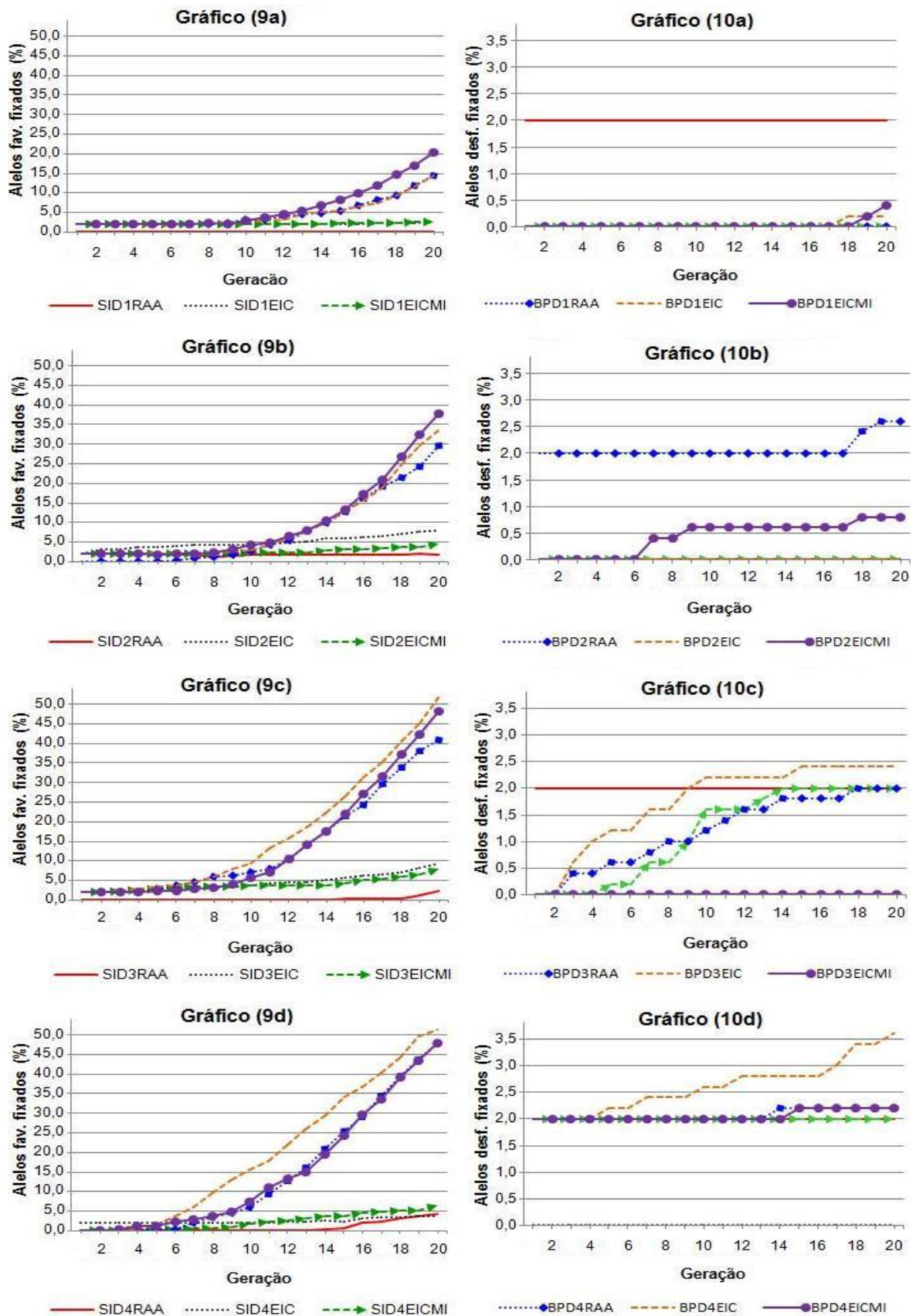


FIGURA 8: Percentagem de alelos favoráveis (gráficos 9) e desfavoráveis (gráficos 10) fixados, para rendimento de carcaça sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráficos a), D_2 (gráficos b), D_3 (gráficos c) e D_4 (gráficos d).

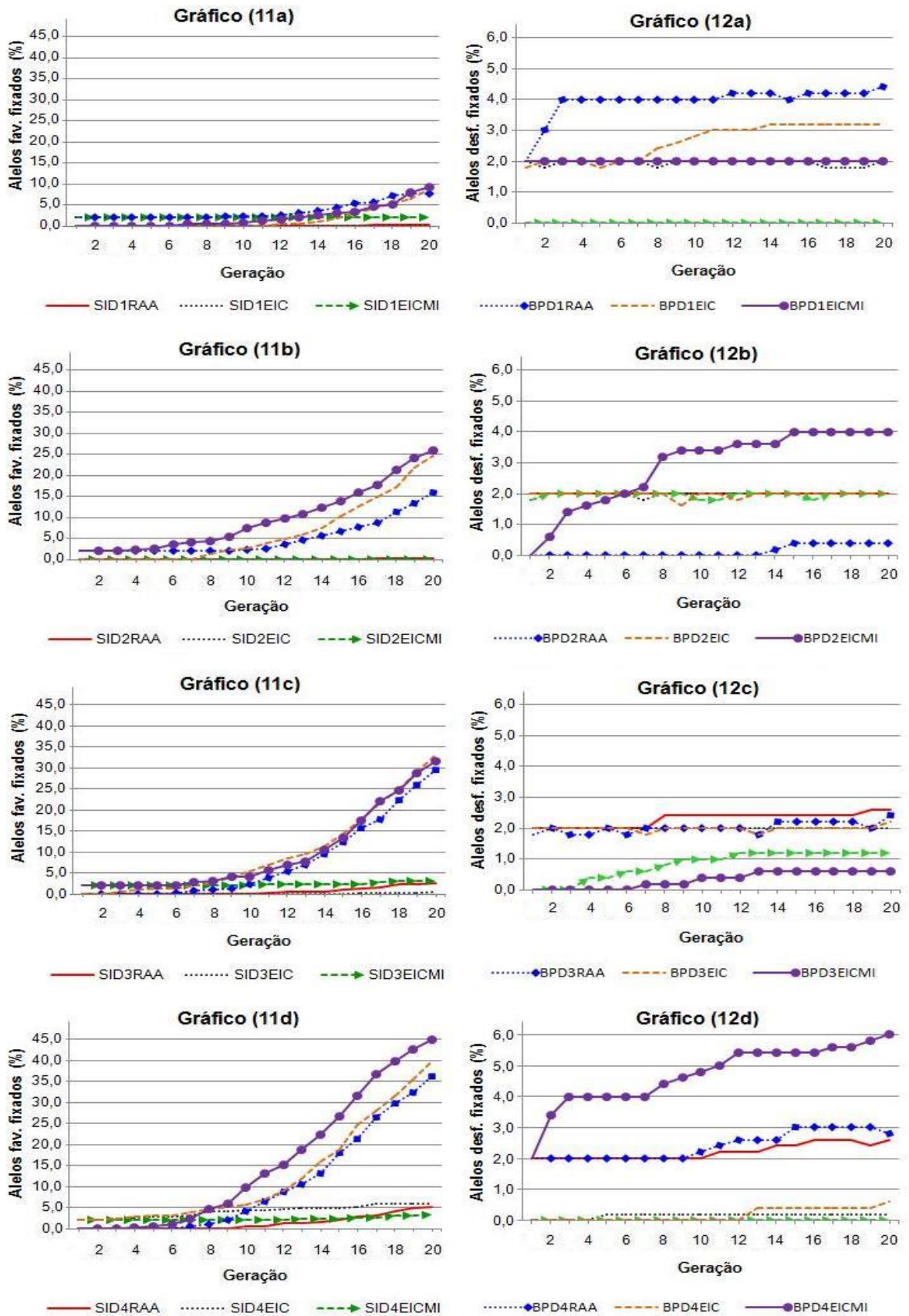


FIGURA 9: Percentagem de alelos favoráveis (gráficos 11) e desfavoráveis (gráficos 12) fixados para característica mortalidade sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais D_1 (gráficos a), D_2 (gráficos b), D_3 (gráficos c) e D_4 (gráficos d).

CUNHA et al. (2004) ressaltaram que, o aumento da razão fêmeas em relação aos machos causa redução da variabilidade genética dos indivíduos da população. Com isso, há uma diminuição na taxa fixação tanto de alelos favoráveis como desfavoráveis devido a um aumento dos níveis de consanguinidade.

Não foi detectado nenhum efeito aparente da herdabilidade das características, na fixação de alelos desfavoráveis, uma vez que houve uma heterogeneidade nos resultados, ao longo das gerações, independente dos métodos de seleção, proporções de fêmeas para machos, tipos de acasalamento dos indivíduos, conforme os gráficos 8, 10 e 12 (Figuras 7, 8 e 9).

Por outro lado, existe uma relação do comportamento dos alelos fixados favoravelmente com o valor da herdabilidade das características peso ao abate ($h^2= 0,30$), rendimento de carcaça ($h^2= 0,10$) e mortalidade ($h^2= 0,05$), foi detectada principalmente dentro das razões sexuais (D_1 , D_2 , D_3 e D_4). Nos cenários baseados no BLUP conjuntamente com a proporção sexual D_1 , houve uma tendência crescente da fixação de alelos favoráveis com o aumento do valor de herdabilidade. Já as demais razões D_2 , D_3 e D_4 , os valores percentuais de alelos favoráveis para a característica rendimento de carcaça foram maiores que peso ao abate, seguidos de mortalidade. Em se tratando da seleção baseada apenas nos valores fenotípicos individuais (SI), a percentagem de fixação de alelos favoráveis foi superior com o aumento da herdabilidade, com exceção da razão sexual D_2 , onde a herdabilidade igual a 0,10 teve maiores valores.

Quanto ao método de seleção, na maioria das vezes, os cenários contendo BLUP conduziram a maiores taxas de fixação de alelos, tanto favoráveis quanto desfavoráveis em relação à seleção individual (SI), em todas as características

em questão, o que levou a uma redução no limite da seleção, principalmente na característica mortalidade, ao longo das gerações. Fato este, está relacionado com o uso da informação de parentes na estimação do BLUP. Segundo FALCONER & MACKAY (1996), o aumento da frequência de fixação de alelos desfavoráveis está diretamente relacionado com o aumento dos níveis de endogamia dentro da população. Por sua vez, EUCLYDES & GUIMARÃES (1996) deduziram que em um processo seletivo, existem correlações entre os alelos fixados favoravelmente e desfavoravelmente, sendo o BLUP, capaz de fixar os alelos que conduzem a maiores valores fenotípicos. No entanto, ao mesmo tempo em que os locos quantitativos desejáveis são fixados nos alelos favoráveis, ocorrem fixações de alelos desfavoráveis de locos de menor importância, responsáveis pela redução da variabilidade genética, em longo prazo.

CARNEIRO et al. (2007) concluíram que os processos de seleção favorecem a fixação alélica, tanto no sentido positivo (alelos favoráveis fixados) como no sentido negativo (alelos desfavoráveis fixados), respectivamente.

Em se tratando dos diferentes sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI), observa-se que há nítida distinção entre os sistemas de acasalamento, principalmente no BLUP, onde os sistemas que excluíram os acasalamentos entre irmãos (EIC e EICMI) resultaram em maiores percentuais de alelos favoráveis fixados (gráficos 7, 9 e 11) e em resultados dispersos nos percentuais de alelos desfavoráveis fixados (gráficos 8, 10 e 12). Para os acasalamentos nos cenários contendo seleção individual, observa-se que em relação ao percentual de alelos favoráveis fixados, houve uma maior equiparação dos valores, principalmente nas primeiras gerações de seleção, considerando a mesma herdabilidade e razão sexual.

Para LEE & VAN DER WERF (2004), a restrição do acasalamento entre indivíduos consanguíneos em uma população aumenta a fixação de alelos favoráveis e reduz a fixação de alelos desfavoráveis, pois existe um retardamento no incremento de endogamia ao longo do tempo, e conseqüentemente, um aumento no incremento dos valores fenotípicos.

4.4 – Limite da seleção

Nas figuras 10 e 11 e 12, são apresentados graficamente os valores de limite da seleção para a característica peso ao abate, rendimento de carcaça e mortalidade referentes a 24 cenários contendo os dois métodos de seleção (SI e BLUP), três tipos de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e quatro razões sexuais (D_1 , D_2 , D_3 e D_4).

Nos gráficos das características peso ao abate e rendimento de carcaça (figuras 10 e 11), em sua maioria tiveram resultados de limite da seleção constantes no decorrer do tempo, com alguns sofrendo quedas ao longo das gerações. As reduções no limite da seleção, aparentemente estão relacionadas com o aumento da fixação de alelos, tanto no sentido desejável quanto indesejável, independente das razões sexuais, formas de acasalamento e métodos de seleção, visto que, os valores fenotípicos máximos foram variados, em sua maioria.

CARNEIRO et al. (2007), comparando os métodos BLUP com informações moleculares, BLUP clássico e seleção individual, concluíram que os sistemas que utilizam de uma maior complexidade de informações (BLUPM, BLUP, SI, respectivamente) foram os que apresentaram maior redução no limite a seleção,

devido fixarem maiores proporções de alelos, tanto no sentido favorável como desfavorável.

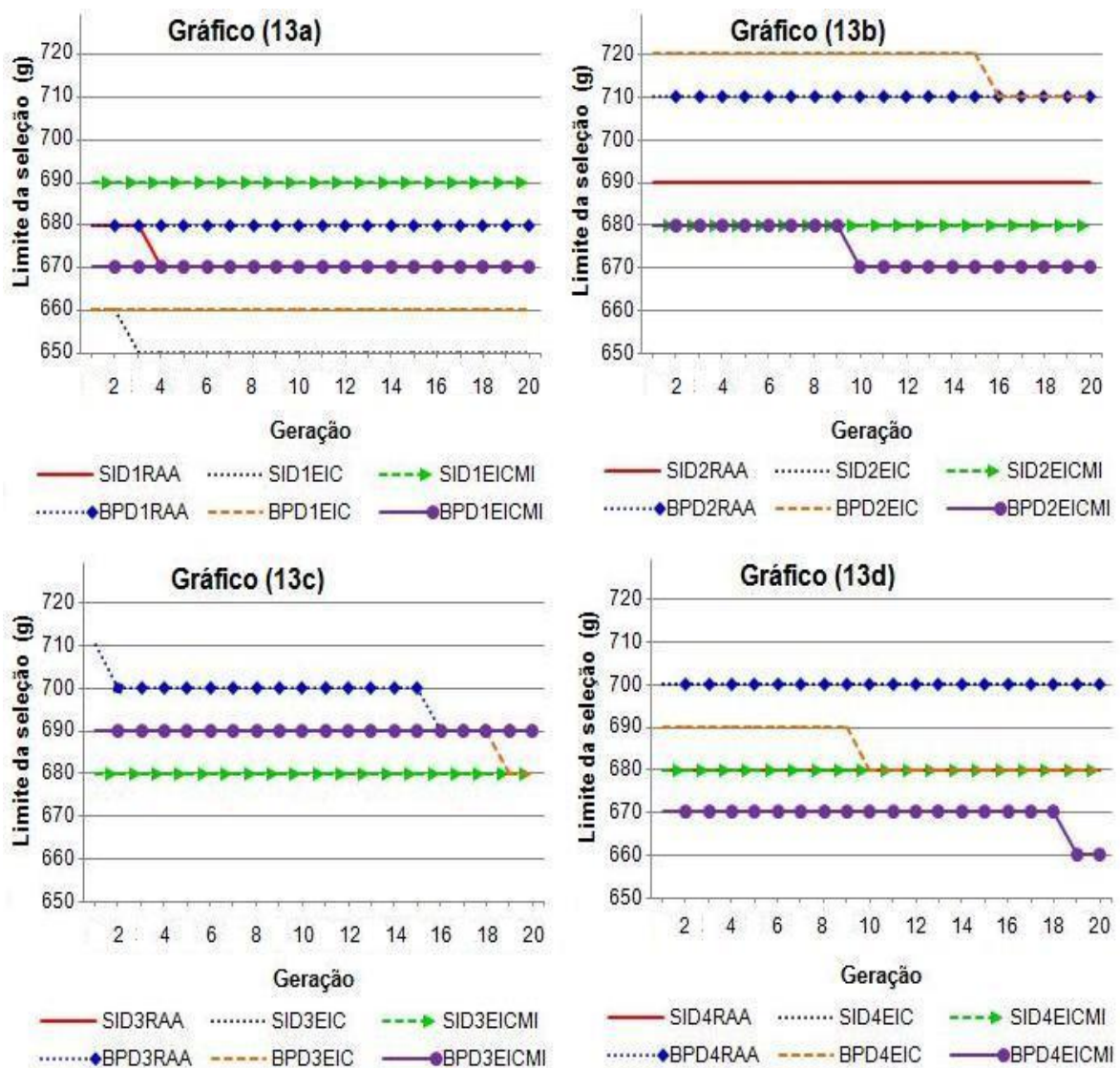


FIGURA 10: Limite de seleção da característica peso ao abate sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais (D_1 - gráfico 13a; D_2 - gráfico 13b; D_3 - gráfico 13c; e D_4 - gráfico 13d), ao longo de 20 gerações de seleção.

Nos gráficos 15 (a, b, c e d) da figura 12, nota-se que houve uma redução no limite fenotípico médio da característica mortalidade em quase todos os cenários de seleção avaliados. Quanto aos métodos de seleção, observou-se que o BLUP leva a maior redução no limite da seleção que a seleção individual (SI). No entanto, até a 6ª geração, não foram observados grandes diferenças nos valores do limite de seleção para os dois métodos de seleção (SI e BLUP). A

partir desta geração, houve clara redução no limite de seleção nas populações selecionadas com base no BLUP, as quais foram superiores em acasalamentos com restrição (EIC e EICMI). Nas populações mantidas sob seleção individual, houve pequena redução do limite de seleção, sendo o acasalamento ao acaso (RAA) o maior redutor do limite de seleção, durante as 20 gerações simuladas. Resultados similares foram encontrados no trabalho conduzido por OLIVEIRA et al. (2006), comparando métodos de seleção para aves de corte através de dados simulados.

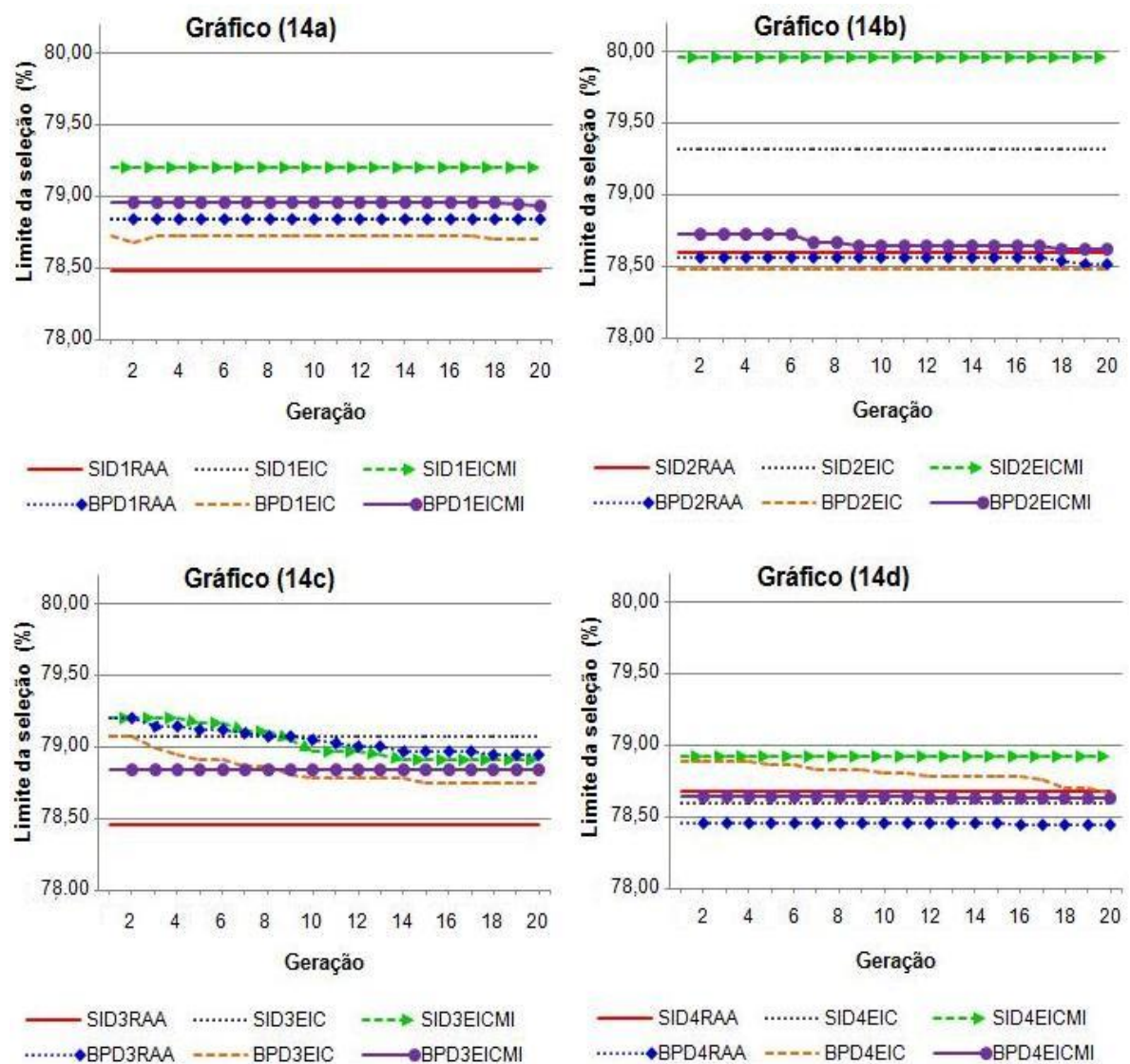


FIGURA 11: Limite de seleção da característica rendimento de carcaça sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais (D₁ - gráfico 14a; D₂ - gráfico 14b; D₃ - gráfico 14c; e D₄ - gráfico 14d), ao longo de 20 gerações de seleção.

Os fatores que influenciam o limite da seleção na característica mortalidade foram à fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis. Haja vista, demonstra a capacidade da seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP conduzir a uma maior fixação de alelos (favoráveis e desfavoráveis), em relação à seleção individual (SI). Deve-se ressaltar que houve claramente o efeito das razões sexuais (D_1 , D_2 , D_3 e D_4) no limite de seleção, visto que, os menores valores fenótipos máximos estão nas maiores proporções de fêmeas em relação a machos.

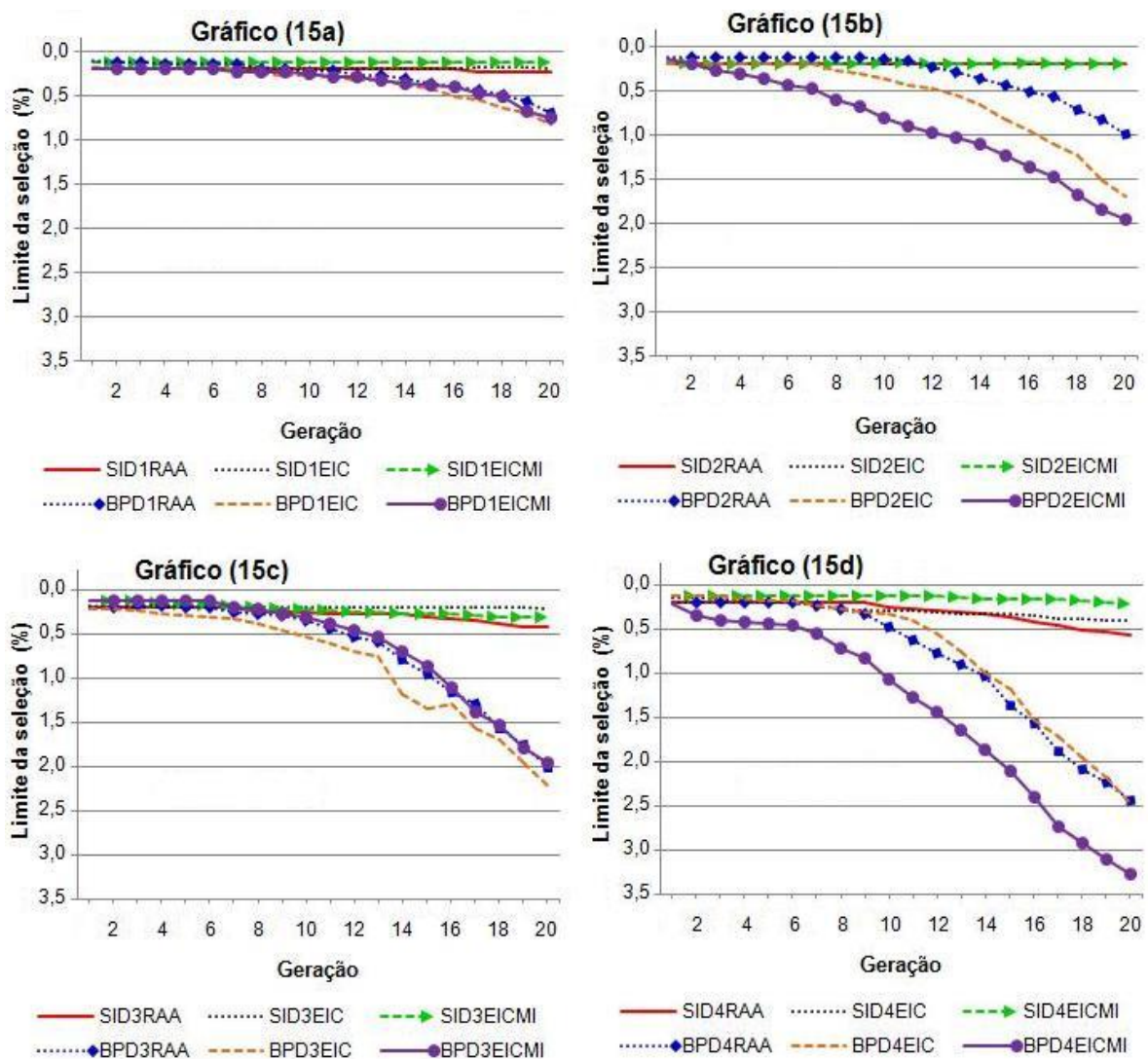


FIGURA 12: Limite de seleção da característica mortalidade sob diferentes cenários contendo métodos de seleção (SI e BP), sistemas de acasalamento (RAA, EIC e EICMI) e razões sexuais (D_1 - gráfico 15a; D_2 - gráfico 15b; D_3 - gráfico 15c; e D_4 - gráfico 15d), ao longo de 20 gerações de seleção.

Similarmente, BREDA et al. (2004) ao avaliar o comportamento do limite de seleção em uma característica ($h^2=0,40$) selecionada a partir do BLUP e seleção individual (SI), onde os indivíduos foram submetidos ao acasalamento restrito (EIC) e ao acaso (RAA) em proporções diferentes de fêmeas em relação a macho, encontraram que as populações de menor razão sexual apresentaram a maior redução do limite de seleção e a maior fixação de alelos favoráveis, principalmente quando selecionadas com base nos valores genéticos preditos pelo BLUP. Além disso, o limite pouco se alterou com relação ao método de seleção individual com o passar do tempo.

No Programa de Melhoramento Genético de Codornas da Universidade Federal de Viçosa, a seleção é baseada no aumento de peso corporal dos animais, onde eles são selecionados conforme seus valores fenotípicos individuais (SI), sendo estes acasalados ao acaso (RAA) na razão sexual de duas fêmeas prá cada macho ($D_2= 2$).

5- CONCLUSÕES

O método de seleção baseado no BLUP proporciona maiores diferenças nos valores fenotípicos no sentido positivo que à seleção individual (SI), principalmente na característica peso ao abate, sendo também, o que apresenta maiores coeficientes de endogamia e fixação de alelos favoráveis, além de reduções no limite da seleção. As razões sexuais influenciam de forma ativa principalmente nos coeficientes de endogamia, sendo esses aumentados à medida que a proporção de fêmeas sobre machos aumentou dentro da população. Os sistemas de acasalamento que restringem os cruzamentos entre aparentados (EIC e EICMI) são os que se mostraram mais eficientes em reduzir a endogamia média, pois eles proporcionam a maior fixação de alelos favoráveis em relação à fixação a alelos desfavoráveis, e a maior redução no limite da seleção entre os cenários avaliados.

Considerando que os programas de melhoramento de aves são a longo prazo e com populações fechadas e que tenham como objetivo aumentar peso corporal deveria utilizar o acasalamento ao acaso de indivíduos nas proporções de duas fêmeas por macho, selecionados através da seleção individual. No entanto, é necessário o estudo do parentesco com intuito de evitar o acasalamento entre indivíduos mais aparentados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALMEIDA, M.I.M.; OLIVEIRA, E.G.; RAMOS, P.R. et al. Efeito de linhagem e nível protéico sobre as características de carcaça de machos de codornas (*Coturnix sp.*). In: SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4ª ed., 2002, Campo Grande. **Anais...** Campo Grande: Embrapa Gado de Corte, 2002, p.105-107.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Rev. Bras. Zootec.**, v.33, n.6, p. 2017-2025, 2004.
- 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.
- CABALLERO, A.; TORO, M.A. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. **Conservation Genetics**, v.3, p.289-299, 2002.
- CARNEIRO, P.L.S; CORRÊIA, F.J.C; CARNEIRO JR., J.M. et al. Oscilação genética em diferente tamanhos de população sobre seleção. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.54, n.1, p.84-92, 2002.
- CARNEIRO, P.L.S. **Efeito de erros de pedigree na avaliação genética animal.** Viçosa, MG: UFV, 1998. 79p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1998.
- CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Rev. Bras. Zootec.**, v.36, n.2, mar./abr., 2007.
- CHAPUIS H.; BEAUMONT C. Genetic analysis of survival rate in poultry. **Proceedings:** 6èmes Journées de la Recherche Avicole (p. 147) 2006.
- CORRÊA, F.J.C. **Avaliação de métodos de seleção tradicionais, assistida por marcadores moleculares e por genes candidatos, com dados simulados.** 2001. 54f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

- CRUZ, C.D. **Programa GENES: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006. 175p.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, n.6, p.1297-1303, 2003.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Efeitos da seleção individual e da seleção baseada no BLUP em populações diferentes quanto ao tipo de acasalamento. **Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.**, v.56, p.94-106, 2004.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Variabilidade genética e limite da seleção em populações de diferentes tipos de acasalamento. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.56, n.2, p.242-250, 2004
- CUNHA, F.S.A. **Avaliação da mandioca (*Manihot esculenta Crantz*) e subprodutos na alimentação de codornas (*Coturnix Japonica*)**. Tese (doutorado em zootecnia: Área de concentração: Produção de não ruminantes) – Universidade Federal Rural de Pernambuco. Universidade Federal da Paraíba. Universidade Federal do Ceará, Pernambuco, 2009.
- DICKERSON, G.E. Techniques for research in quantitative animal genetics. In: **TECHNIQUES AND PROCEDURES IN ANIMAL SCIENCE RESEARCH**. **Am. Soc. Anim. Sci.**, Albany, p. 36-79, 1970.
- EUCLYDES, R.F.; GUIMARÃES, S.E.F. Associação dos métodos tradicionais de seleção à seleção assistida por marcadores moleculares. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, v.21, p.89-96, 1997.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares**. 1996. 149p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1987, 279p.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4^a. ed. London: Longman, 1996.
- GARCIA, E.A. Codornas para produção de carnes. In: Simpósio Internacional de Coturnicultura, 2002, Lavras. **Anais...** Lavras: NECTA/DZO/UFLA, 2002. p. 97-108.

- Perdigão investe em codornas. **Avicultura industrial**, Gessulli: 2002. Disponível em:<<http://www.aviculturaindustrial.com.br/portalgessuli/website/noticias/perdigao-investe-em-bcodornasbs,2331.aspx>>. Acessado em: 18/05/2013.
- HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v.32, p.69-83, 1976.
- HENDERSON, C.R. Avaliação de vacas e touros. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE BOVINO LEITEIRO NOS TRÓPICOS, 1, 1983, Coronel Pacheco, MG. **Anais...** Coronel Pacheco, MG: EMBRAPA/CNPGL, P.137-189, 1983.
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA- IBGE. [2011]. **Banco de dados agregados**: Sistema IBGE de recuperação automática-SIDRA. Disponível em: <ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Pecuaria/Producao_da_Pecuaria_Municipal/2011/tabelas_pdf/tab21.pdf>. Acessado em: 16/05/13.
- 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** , v.74, p.1566-1576, 1995.
- LEE, S.H.; VAN DER WERF, J.H.J. The efficiency of designs for finemapping of quantitative trait loci using combined linkage disequilibrium and linkage. **Genetics Selection Evolution**, v.36, n.2, p.145-161, 2004.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analyses of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1999.
- LOPES, P.S. **Teoria do melhoramento animal**. Viçosa: UFV, 2005. 150 p.
- MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.L.S.; EUCLYDES, R.F. et al. Eficiência de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares na avaliação genética animal. In: SIMPÓSIO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 5, 2004, Pirassununga, **Anais...** Pirassununga: SBMA, 2004. Disponível em:<<http://www.sbmaonline.org.br>>.
- MARTINS, E.N.; LOPES, P.S.; SILVA, M.A.; TORRES FILHO, R.A.A. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa, MG: UFV, 1997. 121p.
- MARTINS, M.A.S. **Efeito da Mutação em Populações Seleccionadas utilizando Simulação Genômica**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2009.

- 72p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2009.
- MÁS, H.A.R. et al. Rendimento de carcaça de codornas de corte submetidas a diferentes níveis protéicos e idades de abate. In: II SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTORNICULTURA, 2004 Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, 2004. p. 206.
- MUIR, W.M. [2000]. 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. Disponível em: <http://www.asas.org>. Acesso em: 25/05/2013.
- NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento-plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183p.
- OLIVEIRA, C.G.; CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F. et al. Endogamia em populações de frangos de corte submetidas a diferentes metodologias de seleção. **Revista Cient. Prod. Anim.**, v.8, n.1, p. 29-39, 2006.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 3ª ed. Belo Horizonte - MG: FEPMVZ editora, 2001. 555p.
- PIRES, B.C.; FARIA, C.U.; VIU, M.A.O.; TERRA, J.P.; LOPES, D.T.; MAGNABOSCO, C.U.; LÔBO, R.B. Modelos bayesianos de limiar e linear na estimação de parâmetros genéticos para características morfológicas de bovinos da raça Nelore. **Revista Brasileira de Saúde e Reprodução Animal**, v.11, p.651-661, 2010.
- 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**, v.70, p.1060-1067, 1992.
- RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: EMBRAPA Informação tecnológica, 2002. 975p.
- REZENDE, M.J.M.; FLAUZINA, L.P.; MCMANUS, C. et al. Desempenho produtivo e biometria das vísceras de codornas francesas alimentadas

- com diferentes níveis de energia metabolizável e proteína bruta. **Acta Scientiarum Animal Sciences**. v.26, n.3, p.353 -358, 2004.
- ROUSSOT, O.; FEVE, K.; PLISSON-PETIT, F. et al. AFLP linkage map of the Japanese quail *Coturnix japonica*. **Genet. Sel. Evol.** v.35, p.559-572, 2003.
- SANTOS, L.G. **Estratégias de seleção combinando informação individual e de família utilizando simulação de dados**. 2007. 67p. Dissertação (Mestrado em Zootenia), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.
- SANTANA, J.G.; JOSAHKIAN, A.L. **Efeitos da endogamia em zebuínos com ênfase na raça nelore**. Cadernos de Pós-Graduação da FAZU, V.1, 2011 - Uberaba.
- SHIMBO, M.V. et al. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 2., 2000. Belo Horizonte. **Anais...** SBMA, 2000, p.388-390.
- SILVA FILHO, J.L.; BEARZOTI, E.; RAMALHO, M.A.P. [2001]. Uso de modelos mistos na análise de cruzamentos dialélicos de feijoeiro usando gerações F2. Disponível em: <http://www.nucleoestudo.ufla.br/gen/associados/resumos_congresso/joaoluissilvafilho.htm> Acesso em: 21/05/13.
- SILVA, J.H.V.; COSTA, F.G.P.; SILVA, E.L. et al. Exigências nutricionais de codornas. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, 3, 2007, Lavras. **Anais...** Lavras, 2007. p.44-64.
- SILVA, J.H.V.; COSTA, F.G.P. **Tabela de Exigência Nutricional de Codornas Japonesas e Europeias**. 2. ed. Jaboticabal-SP: Fundação de Apoio à Pesquisa, Ensino e Extensão - FUNCEP, 2009. 107p.
- SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C.; SILVA, F.G.; BONAFÉ, C.M.; SILVA, F.F.; TORRES, R. A. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science**, 2013.
- VALI, N.; EDRISS, M. A.; RAHMANI, H. R. Genetic parameters of body and some carcass traits in two quail strains. **Int. J. Poult. Sci**, v. 4, n. 5, p. 296-300, 2005.
- VERRIER, E.; COLLEAU, J.J.; FOULLEY, J.L. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. **Theor. Appl. Genet.**, v.87, p.446-454, 1993.

- WANG, J. Effect of excluding sib matings on inbreeding coefficient and effective size of diploid populations. **Biometrics**, v. 53, p. 1354-1365, 1997.
- WEI, M.; CABALERO, A.; HILL, W.G. Selection response in finite populations. **Genetics**, v.144, p.1961-1974, 1996.
- YERTURK, M. Effects of closed breeding on some reproductive performance of a small japanese quail flock in Sanliurfa. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v. 7, p. 963-967, 2008.

APÊNDICES

Tabela 1A – Percentagem de fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis obtidos a partir dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica peso ao abate.

Cenários	1ª ger.		5ª ger.		10ª ger.		15ª ger.		20ª ger.	
	AF	AD	AF	AD	AF	AD	AF	AD	AF	AD
SID ₁ RAA	1,0	0,0	1,0	0,3	1,1	0,6	1,5	0,9	2,7	0,9
SID ₁ EIC	0,0	1,0	0,0	1,3	0,5	1,5	1,3	1,6	5,2	1,7
SID ₁ EICMI	0,0	1,0	0,0	1,0	0,3	1,0	1,6	1,0	3,8	1,0
BPD ₁ RAA	1,0	0,0	1,8	0,1	2,8	0,1	9,0	0,2	19,3	0,3
BPD ₁ EIC	1,0	0,0	1,0	0,0	2,5	0,3	9,8	0,5	22,0	0,8
BPD ₁ EICMI	1,0	0,0	1,0	0,0	2,8	0,2	11,3	0,2	24,0	0,6
SID ₂ RAA	1,0	0,0	1,0	0,0	1,1	0,0	1,9	0,0	4,6	0,0
SID ₂ EIC	0,0	1,0	0,0	1,7	0,0	1,8	1,7	1,9	6,2	1,9
SID ₂ EICMI	0,0	1,0	0,0	1,0	0,0	1,0	0,8	1,0	6,5	1,0
BPD ₂ RAA	1,0	0,0	1,8	0,3	3,9	0,8	12,9	1,3	30,4	1,7
BPD ₂ EIC	1,0	0,0	0,9	0,0	3,4	0,2	14,0	0,5	30,3	1,0
BPD ₂ EICMI	0,0	1,0	0,3	1,0	4,4	1,4	17,1	2,1	32,5	2,4
SID ₃ RAA	1,0	1,0	1,0	1,1	2,0	1,5	5,7	1,6	11,5	1,6
SID ₃ EIC	0,0	1,0	0,0	1,0	0,5	1,0	5,0	1,0	10,5	1,0
SID ₃ EICMI	1,0	0,0	1,0	0,0	1,0	0,0	2,8	0,0	10,7	0,0
BPD ₃ RAA	0,0	1,0	1,4	1,8	5,2	2,0	18,4	2,4	35,9	2,6
BPD ₃ EIC	0,9	0,0	1,0	0,0	3,9	0,1	18,5	0,7	39,3	1,6
BPD ₃ EICMI	0,0	1,0	0,0	1,0	3,5	1,1	22,5	1,7	41,1	2,2
SID ₄ RAA	1,0	0,0	1,1	0,3	1,8	0,5	4,8	0,6	12,2	0,6
SID ₄ EIC	1,0	0,0	0,9	0,0	1,2	0,0	3,9	0,1	12,4	0,2
SID ₄ EICMI	1,0	0,0	1,3	0,0	1,9	0,1	4,9	0,1	13,4	0,2
BPD ₄ RAA	1,0	0,0	1,0	0,0	3,9	0,2	17,6	0,7	36,0	1,3
BPD ₄ EIC	0,0	1,0	2,0	1,0	11,5	1,5	28,6	2,9	42,7	4,3
BPD ₄ EICMI	1,0	0,0	1,2	0,0	7,7	0,1	22,5	1,1	38,9	2,2

AF= alelos favoráveis fixados; AD= alelos desfavoráveis fixados; SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.

Tabela 2A – Percentagem de fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis obtidos a partir dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica rendimento de carcaça.

Cenários	1ª ger.		5ª ger.		10ª ger.		15ª ger.		20ª ger.	
	AF	AD	AF	AD	AF	AD	AF	AD	AF	AD
SID ₁ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0
SID ₁ EIC	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,6	0,0
SID ₁ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,2	0,0	2,6	0,0
BPD ₁ RAA	2,0	0,0	2,0	0,0	3,0	0,0	5,4	0,0	14,4	0,0
BPD ₁ EIC	2,0	0,0	1,8	0,0	2,6	0,0	5,4	0,0	14,4	0,2
BPD ₁ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,0	2,8	0,0	8,2	0,0	20,2	0,4
SID ₂ RAA	2,0	0,0	2,0	0,0	1,8	0,0	1,8	0,0	1,8	0,0
SID ₂ EIC	2,0	0,0	3,6	0,0	4,2	0,0	5,8	0,0	8,0	0,0
SID ₂ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,0	2,2	0,0	3,2	0,0	4,4	0,0
BPD ₂ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	2,6	2,0	12,8	2,0	29,6	2,6
BPD ₂ EIC	2,0	0,0	2,0	0,0	2,8	0,0	13,0	0,0	33,6	0,0
BPD ₂ EICMI	2,0	0,0	1,8	0,0	4,2	0,6	13,2	0,6	37,8	0,8
SID ₃ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,2	2,0	2,2	2,0
SID ₃ EIC	2,0	0,0	2,6	0,0	3,6	0,0	5,6	0,0	9,4	0,0
SID ₃ EICMI	2,0	0,0	2,8	0,2	3,6	1,6	4,2	2,0	7,8	2,0
BPD ₃ RAA	2,0	0,0	2,8	0,6	7,0	1,2	21,4	1,8	41,0	2,0
BPD ₃ EIC	2,0	0,0	3,4	1,2	9,4	2,2	26,6	2,4	51,8	2,4
BPD ₃ EICMI	2,0	0,0	2,2	0,0	5,6	0,0	22,0	0,0	48,2	0,0
SID ₄ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,6	2,0	4,2	2,0
SID ₄ EIC	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,4	0,0	3,8	0,0
SID ₄ EICMI	0,0	2,0	0,2	2,0	1,6	2,0	3,8	2,0	6,6	2,0
BPD ₄ RAA	0,0	2,0	0,2	2,0	5,8	2,0	25,4	2,2	48,0	2,2
BPD ₄ EIC	0,0	2,0	1,4	2,2	15,6	2,6	34,2	2,8	51,4	3,6
BPD ₄ EICMI	0,0	2,0	1,2	2,0	7,4	2,0	24,4	2,2	48,0	2,2

AF= alelos favoráveis fixados; AD= alelos desfavoráveis fixados; SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.

Tabela 3A – Percentagem de fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis obtidos a partir dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica mortalidade.

Cenários	1ª ger.		5ª ger.		10ª ger.		15ª ger.		20ª ger.	
	AF	AD	AF	AD	AF	AD	AF	AD	AF	AD
SID ₁ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,2	2,0
SID ₁ EIC	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0
SID ₁ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0
BPD ₁ RAA	2,0	2,0	2,0	4,0	2,2	4,0	4,4	4,0	7,8	4,4
BPD ₁ EIC	0,0	1,8	0,0	1,8	0,0	2,8	1,8	3,2	8,6	3,2
BPD ₁ EICMI	0,0	2,0	0,0	2,0	0,8	2,0	3,0	2,0	9,2	2,0
SID ₂ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,2	2,0
SID ₂ EIC	0,0	1,8	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0
SID ₂ EICMI	0,0	1,8	0,0	2,0	0,0	1,8	0,0	2,0	0,0	2,0
BPD ₂ RAA	2,0	0,0	2,0	0,0	2,4	0,0	6,6	0,4	15,8	0,4
BPD ₂ EIC	0,0	2,0	0,0	2,0	2,6	2,0	10,2	2,0	24,6	2,0
BPD ₂ EICMI	2,0	0,0	2,6	1,8	7,4	3,4	13,8	4,0	25,8	4,0
SID ₃ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,4	1,0	2,4	2,6	2,6
SID ₃ EIC	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,4	2,0
SID ₃ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,4	2,0	1,0	2,4	1,2	3,2	1,2
BPD ₃ RAA	0,0	1,8	0,0	2,0	2,4	2,0	12,2	2,2	29,4	2,4
BPD ₃ EIC	0,0	2,0	1,2	2,0	5,4	2,0	14,4	2,0	33,0	2,2
BPD ₃ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,0	4,2	0,4	13,4	0,6	31,6	0,6
SID ₄ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	0,6	2,0	2,0	2,4	5,2	2,6
SID ₄ EIC	2,0	0,0	2,8	0,2	4,4	0,2	5,0	0,2	6,0	0,2
SID ₄ EICMI	2,0	0,0	2,0	0,0	2,0	0,0	2,4	0,0	3,4	0,0
BPD ₄ RAA	0,0	2,0	0,0	2,0	4,2	2,2	18,0	3,0	36,0	2,8
BPD ₄ EIC	2,0	0,0	3,2	0,0	5,6	0,0	18,8	0,4	39,8	0,6
BPD ₄ EICMI	0,0	2,0	0,6	4,0	9,8	4,8	26,6	5,4	44,8	6,0

AF= alelos favoráveis fixados; AD= alelos desfavoráveis fixados; SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.

Tabela 4A – Limite da seleção dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica peso ao abate.

Cenários	1ª geração	5ª geração	10ª geração	15ª geração	20ª geração
SID ₁ RAA	680	670	670	670	670
SID ₁ EIC	660	650	650	650	650
SID ₁ EICMI	690	690	690	690	690
BPD ₁ RAA	680	680	680	680	680
BPD ₁ EIC	660	660	660	660	660
BPD ₁ EICMI	670	670	670	670	670
SID ₂ RAA	690	690	690	690	690
SID ₂ EIC	680	680	680	680	680
SID ₂ EICMI	680	680	680	680	680
BPD ₂ RAA	710	710	710	710	710
BPD ₂ EIC	720	720	720	720	710
BPD ₂ EICMI	680	680	670	670	670
SID ₃ RAA	690	690	690	690	690
SID ₃ EIC	690	690	690	690	690
SID ₃ EICMI	680	680	680	680	680
BPD ₃ RAA	710	700	700	700	690
BPD ₃ EIC	690	690	690	690	680
BPD ₃ EICMI	690	690	690	690	690
SID ₄ RAA	680	680	680	680	680
SID ₄ EIC	700	700	700	700	700
SID ₄ EICMI	680	680	680	680	680
BPD ₄ RAA	700	700	700	700	700
BPD ₄ EIC	690	690	680	680	680
BPD ₄ EICMI	670	670	670	670	660

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.

Tabela 5A – Limite da seleção dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica rendimento de carcaça.

Cenários	1ª geração	5ª geração	10ª geração	15ª geração	20ª geração
SID ₁ RAA	78,48	78,48	78,48	78,48	78,48
SID ₁ EIC	78,84	78,84	78,84	78,84	78,84
SID ₁ EICMI	79,20	79,20	79,20	79,20	79,20
BPD ₁ RAA	78,60	78,60	78,60	78,60	78,60
BPD ₁ EIC	79,32	79,32	79,32	79,32	79,32
BPD ₁ EICMI	79,96	79,96	79,96	79,96	79,96
SID ₂ RAA	78,45	78,45	78,45	78,45	78,45
SID ₂ EIC	79,08	79,08	79,08	79,08	79,08
SID ₂ EICMI	79,20	79,17	78,97	78,91	78,91
BPD ₂ RAA	78,68	78,68	78,68	78,68	78,68
BPD ₂ EIC	78,60	78,60	78,60	78,60	78,60
BPD ₂ EICMI	78,93	78,93	78,93	78,93	78,93
SID ₃ RAA	78,84	78,84	78,84	78,84	78,84
SID ₃ EIC	78,72	78,72	78,72	78,72	78,71
SID ₃ EICMI	78,96	78,96	78,96	78,96	78,93
BPD ₃ RAA	78,56	78,56	78,56	78,56	78,51
BPD ₃ EIC	78,48	78,48	78,48	78,48	78,48
BPD ₃ EICMI	78,72	78,72	78,64	78,64	78,61
SID ₄ RAA	79,20	79,13	79,05	78,98	78,95
SID ₄ EIC	79,08	78,92	78,78	78,75	78,75
SID ₄ EICMI	78,84	78,84	78,84	78,84	78,84
BPD ₄ RAA	78,46	78,46	78,46	78,46	78,44
BPD ₄ EIC	78,89	78,86	78,81	78,78	78,67
BPD ₄ EICMI	78,64	78,64	78,64	78,63	78,63

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.

Tabela 6A – Limite da seleção dos diferentes cenários de métodos de seleção, razões sexuais e sistemas de acasalamento em algumas gerações para a característica mortalidade.

Cenários	1ª geração	5ª geração	10ª geração	15ª geração	20ª geração
SID ₁ RAA	1,20	1,20	1,20	1,20	1,22
SID ₁ EIC	1,20	1,20	1,20	1,20	1,20
SID ₁ EICMI	1,12	1,12	1,12	1,12	1,12
BPD ₁ RAA	1,19	1,19	1,19	1,19	1,20
BPD ₁ EIC	1,17	1,19	1,19	1,19	1,19
BPD ₁ EICMI	1,18	1,20	1,18	1,20	1,20
SID ₂ RAA	1,20	1,20	1,24	1,30	1,42
SID ₂ EIC	1,19	1,19	1,19	1,19	1,21
SID ₂ EICMI	1,11	1,15	1,21	1,26	1,31
BPD ₂ RAA	1,20	1,20	1,24	1,36	1,56
BPD ₂ EIC	1,13	1,20	1,29	1,33	1,39
BPD ₂ EICMI	1,12	1,12	1,12	1,15	1,21
SID ₃ RAA	1,10	1,14	1,22	1,36	1,69
SID ₃ EIC	0,18	0,18	0,27	0,42	0,83
SID ₃ EICMI	1,20	1,20	1,24	1,38	1,75
BPD ₃ RAA	1,12	1,12	1,14	1,44	1,99
BPD ₃ EIC	1,20	1,20	1,36	1,82	2,69
BPD ₃ EICMI	1,13	1,35	1,80	2,24	2,95
SID ₄ RAA	1,18	1,20	1,34	1,96	3,02
SID ₄ EIC	1,20	1,29	1,53	2,35	3,21
SID ₄ EICMI	1,12	1,12	1,30	1,87	2,95
BPD ₄ RAA	1,20	1,20	1,47	2,37	3,44
BPD ₄ EIC	1,11	1,18	1,33	2,18	3,47
BPD ₄ EICMI	1,21	1,44	2,06	3,11	4,27

SI= seleção individual; BP= BLUP; D₁= razão sexual 1; D₂= razão sexual 2; D₃= razão sexual 3; D₄= razão sexual 4; RAA = Reprodutores Acasalados Aleatoriamente; EIC = Exclusão de Irmãos Completos; e EICMI = Exclusão de Irmãos Completos e Meio-Irmãos.