

ALINE CAMPOREZ CRISPIM

**ESTUDO DA ENDOGAMIA E DA ESTRUTURA DE POPULAÇÕES DE
CODORNAS DE CORTE SOB SELEÇÃO**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2013

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

T

C932e
2013
Crispim, Aline Camporez, 1989-
Estudo da endogamia e da estrutura de populações de
codornas de corte sob seleção / Aline Camporez Crispim. –
Viçosa, MG, 2013.
vi, 50 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f. 47-50.

1. Codorna - Melhoramento genético. 2. Codorna -
Crescimento. 3. Codorna - Reprodução. I. Universidade Federal
de Viçosa. Departamento de Zootecnia. Programa de
Pós-Graduação em Zootecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 636.594

ALINE CAMPOREZ CRISPIM

**ESTUDO DA ENDOGAMIA E DA ESTRUTURA DE POPULAÇÕES DE
CODORNAS DE CORTE SOB SELEÇÃO**

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

APROVADA: 29 de julho de 2013

Antônio Policarpo Souza Carneiro

Sérgio Luiz de Toledo Barreto

Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

Aos meus pais, irmãos e marido,
que sempre me apoiaram,
dedico este trabalho.

AGRADECIMENTOS

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

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

Ao meu atual orientador, Robledo de Almeida Torres, pelos ensinamentos, paciência e confiança. Obrigada por acreditar no meu potencial e me aceitar como sua orientada.

Aos professores Sérgio Luiz de Toledo Barreto e Antônio Policarpo Souza Carneiro, por aceitarem participar da banca, e pelos valiosos conselhos.

Ao professor Ricardo Frederico Euclides, por me orientar durante quase todo o mestrado, pô me dar a honra de ser sua última orientada e pela alegria contagiante.

Não chegaria até aqui sozinha. Mas também não teria graça percorrer todo este caminho sem ninguém ao meu lado.

Agradeço a Deus, que me deu muita perseverança para trilhar o caminho e sabedoria para percorrê-lo da melhor maneira.

Aos meus pais, Mara e Edmon, que além de muito amor, me deram a oportunidade de estudar em Viçosa, sempre pensando em um futuro melhor para eu e meus irmãos.

Ao meu irmão Edmon, que sempre foi meu porto seguro em Viçosa e a minha irmã Adelaide, pela amizade verdadeira e pelas alegrias em cada encontro.

Ao meu marido Marcelo, que me apoia e incentiva sempre. Obrigada pela paciência e pelo seu amor.

A minha família de Viçosa, Tânia, Reginaldo, Vivian e Cristiano, pelo carinho e amizade, além dos almoços, lanchinhos e jantares

Ao Jeferson Correa Ribeiro e Luciano Pinheiro da Silva, pela amizade, paciência e disponibilidade. Sem vocês não seria possível.

Aos amigos da Granja de Melhoramento de Codornas de Corte: Gigio, Felipe, Rodrigo, Ariane, Lorena, Camila, Willian, Stefani, Helmut, Mariele, Carlinha, Karol, Marcela, Rafael, Cristina, dentre outros, que já trabalharam ou que ainda trabalham conosco. Os finais de semana foram mais trabalhosos e divertidos com vocês.

Ao pessoal do GDMA, pelos encontros e trocas de informações.

E a todos que de alguma forma, me ajudaram a realizar este trabalho.

ÍNDICE

RESUMO	V
ABSTRACT	VI
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Endogamia	3
2.2 Depressão endogâmica	5
2.3 Tamanho efetivo	6
3. METODOLOGIA	9
3.1 Banco de dados	9
3.2 Estrutura da população	11
3.3 Valor genético	13
3.4 Estudo do efeito da endogamia	15
4. RESULTADOS	18
4.1. Grupo genético UFV1	18
4.1.1. Estrutura da população	18
4.1.2. Valor genético médio em função das gerações	20
4.1.3. Estudo do efeito da endogamia	24
4.1.4. Valor genético em função da endogamia	25
4.2. Grupo genético UFV2	28
4.2.1. Estrutura da população	28
4.2.2. Valor genético médio em função das gerações	30
4.2.3. Estudo do efeito da endogamia	34
4.2.3. Valor genético em função da endogamia	34
5. DISCUSSÃO	38
5.1. Grupo genético UFV1	38
5.2. Grupo genético UFV2	41
6. CONCLUSÕES	46
7. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	47

RESUMO

CRISPIM, Aline Camporez, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2013. **Estudo da Endogamia e da Estrutura de Populações de Codornas de Corte Sob Seleção**. Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Objetivou-se, com este trabalho, fazer um estudo da estrutura da população, bem como uma análise da tendência genética e avaliação do efeito da endogamia sobre características de crescimento e produção de ovos de duas linhagens de codornas de corte submetidas a seleção por peso. Foi utilizado um banco de dados das linhagens, UFV1 e UFV2, provenientes do programa de melhoramento genético de codornas de corte da Universidade Federal de Viçosa. Para cálculo da endogamia e estrutura de população através do programa Endog, foram utilizadas 11 gerações da UFV1, totalizando 12.965 animais, e 17 gerações da UFV2, totalizando 18.373 animais. Os valores genéticos para as características de crescimento e produção foram preditos através do programa WOMBAT, usando um modelo bicaracterística. As características foram peso ao nascimento (P1), peso aos 28 dias (P28), peso médio do ovo até 112 dias (POM112), número de ovos até 112 dias (NO112) e massa de ovos até 112 dias (MO112). Para estudo de tendência genética foi testada regressão linear e quadrática do valor genético em função das gerações avaliadas. Para estudo do efeito da endogamia sobre as características, foram testadas regressões linear e quadrática do valor genético das características avaliadas em função da taxa de endogamia (F%). A significância das regressões obtidas, utilizando o programa SAS, foi avaliada ao nível de 5% de probabilidade. Para a linhagem UFV1, a taxa de endogamia média foi 0,79% e tamanho efetivo de população 330,18. Para a linhagem UFV2, o coeficiente de endogamia médio foi 1,85% e o tamanho efetivo 194,58. A endogamia média em função das gerações apresentou efeito quadrático para as duas linhagens. O valor genético em função das gerações apresentou efeito quadrático para todas as características e linhagens. O valor genético em função da taxa de endogamia apresentou efeito quadrático para todas as características e linhagens. O ganho genético obtido com a seleção foi superior às perdas por depressão endogâmica. Animais com endogamia superior a 13% sofreram efeitos da depressão endogâmica para P1, P28 e POM112.

ABSTRACT

CRISPIM, Aline Camporez, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, July, 2013.
Study of Inbreeding and Population Structure of Meat Quail Population Under Selection. Adviser: Robledo de Almeida Torres.

The objective of this study was to analyse the structure of population, genetic tendency and evaluate the effect of inbreeding on growth and production traits of meat type quail selected by weight. Strains UFV1 and UFV2, from Universidade Federal de Viçosa, was used to calculate inbreeding coefficient (F) and effective population size (N_e), totaling 12.965 animals and 11 generations from UFV1 and 18.273 animals and 17 generations from UFV2. The software Endog was used to calculate the genetic structure of population. The software Wombat was used to predict breeding values for growth and production traits using a bicharacteristic model. Traits were birth weight (P1), body weight at 28 days (P28), average egg weight up to 112 days of age (POM112), number of eggs up to 112 days (NO112) and egg mass up to 112 days (MO112). Also, general linear models (GLM) were used to analyze effects of generation on genetic value and the effects of inbreeding on genetic value traits. All regressions was tested for significance ($P < 0.05$) using the software SAS. The UFV1 strain showed an average F of 0,79% and N_e 330,18. UFV2 strain showed an average F of 1,85% and N_e 194,58. The effect of generations on inbreeding and effect of generations on average of genetic value was quadratic, for both strains. The inbreeding presented a quadratic effect on genetic value, for all traits and strains. The genetic gain with body weight selection was superior to losses by inbreeding depression. Animals with inbreeding over than 13% have suffered the effects of inbreeding depression for P1, P28 and POM112.

1. INTRODUÇÃO

A atividade comercial de codornas de corte iniciou-se através do abate de machos e fêmeas em criações de codornas voltadas para postura (*Coturnixjaponica*). Os machos nascidos eram recriados para o abate, e as fêmeas eram abatidas ao final do período de produção de ovos, utilizando-se animais mais velhos e com características de carcaça não padronizadas. O mercado consumidor cada vez mais exigente em carne de qualidade chamou atenção de criadores, que viram na exploração de codornas para corte um mercado potencial. Com a introdução de uma linhagem voltada para produção de carne (*Coturnixcoturnix*), com peso ao abate maior em relação a linhagem de postura, idade ao abate aos 35-42 dias, resultando em carne mais macia e de melhor qualidade, a coturnicultura de corte tornou-se uma atividade promissora.

O desenvolvimento de material genético superior nos programas de melhoramento genético pode ser feito através de seleção e/ou cruzamento dos animais geneticamente superiores. Plantéis de reprodução formados a cada geração, a partir da seleção dos animais geneticamente superiores, são multiplicados para formar a próxima geração. A eficiência desse processo é dependente da precisão com que são obtidas as estimativas dos componentes de (co)variância das características, que serão utilizadas como critério de seleção (Martins et al., 1997). As características avaliadas em um programa de melhoramento genético para posterior seleção e/ou acasalamento, variam em função dos critérios e objetivos de cada programa.

O Brasil não dispõe de material genético próprio especializado, o que de certa forma ainda deixa a coturnicultura vulnerável e dependente de importação de material genético de outros países. Porém, algumas instituições públicas e privadas já iniciaram em Viçosa, Maringá, dentre outros, trabalhos de melhoramento da linhagem de corte. (Ribeiro et al., 2012b).

De acordo com Malhado et al. (2008), para a viabilidade dos programas de melhoramento genético, é imprescindível que se conheçam os diferentes fatores que interferem potencialmente na seleção e no progresso genético, como por exemplo, tamanho efetivo, intervalo de gerações e variabilidade genética.

O conhecimento da evolução genética de uma população tem importância não só para proceder aos ajustes que se fizerem necessários no direcionamento da seleção, mas também para avaliar o resultado do programa de seleção que vem sendo adotado (Euclides Filho et al., 2000).

A ausência de estratégias de acasalamento e seleção para desenvolvimento de animais geneticamente superiores pode resultar em incremento da endogamia, e conseqüentemente perda no vigor híbrido, em detrimento do aumento de homozigose e diminuição da heterozigose na população.

O aumento da homozigose causada pela endogamia é desejável se os alelos forem somente de efeito favorável. Mas como há alelos com efeitos deletérios, que são expressos na maioria das vezes em homozigose recessiva, o aumento da endogamia aumenta as chances de manifestação desses alelos indesejáveis. Essa manifestação de combinações gênicas desfavoráveis tem efeitos negativos comprovados em características de importância econômica como crescimento, sobrevivência e índices reprodutivos. Tendo em vista a importância dessas características para viabilidade da produção de codornas, torna-se importante a mensuração da endogamia e monitoramento dos seus efeitos em uma população, bem como o estudo da estrutura de população.

Desse modo, objetivou-se, com este trabalho, avaliar a tendência genética e o as taxas de endogamia média das linhagens submetidas a seleção por peso corporal ao longo das gerações, bem como avaliar o efeito da endogamia em características de importância zootécnica.

2. REVISÃO DE LITERATURA

O conhecimento da evolução genética de uma população tem importância não só para proceder aos ajustes que se fizerem necessários no direcionamento da seleção, mas também para avaliar o resultado do programa de seleção que vem sendo adotado (Euclides Filho et al., 2000). Em um programa de melhoramento, assim como em criações nas quais animais são selecionados para a reprodução, faz-se necessário o acompanhamento de parâmetros explicativos da estrutura da população, a fim de se evitar perdas por efeitos da depressão endogâmica, e obter maior ganho genético por geração.

2.1. ENDOGAMIA

Segundo Queiroz et al., (2000), a endogamia, ou consanguinidade, resulta do acasalamento, intencional ou não, de animais aparentados, sendo um sistema de acasalamento capaz de alterar a constituição genética da população.

É representada por coeficiente de endogamia (F), como a probabilidade de em qualquer loco haver pares de alelos idênticos por descendência e pode ser calculado indiretamente pelo tamanho efetivo da população ou diretamente por meio de análise de pedigree (Hartl & Clark, 1997) ou ainda pela heterozigose através de marcadores genéticos (Galeuchet et al., 2005).

O F do indivíduo é dado pela metade do parentesco de seus pais, que é média de genes comuns entre eles, mais a metade do coeficiente de endogamia de cada um dos pais caso estes sejam endogâmicos. Dessa forma, no sistema de acasalamentos de irmãos completos a primeira, a segunda e a terceira gerações têm coeficientes de endogamia médios de 25, 37,5 e 50%, respectivamente (Falconer & Mackay, 1996). O controle de acasalamentos entre indivíduos aparentados é importante para evitar o incremento acelerado de endogamia na população.

A alteração na constituição genética da população endogâmica é caracterizada pelo aumento da homozigose e geralmente é associada a um decréscimo de desempenho.

Segundo Silva et al. (2001), a falta de programa de acasalamento eficiente e o fato de se trabalhar com rebanhos fechados têm sido fatores determinantes no avanço contínuo do nível de endogamia e do número de animais endogâmicos. A endogamia, segundo Oliveira et al. (1999), é um processo difícil de ser evitado em populações fechadas, particularmente naquelas na qual a seleção é praticada em apenas uma característica.

Com o uso crescente de métodos de seleção mais acurados, como aqueles que se baseiam nas estimativas de valores genéticos, é possível que o nível de endogamia em rebanhos fechados aumente rapidamente (Belonsky & Kennedy, 1988), pois animais aparentados têm valores genéticos similares, o que torna mais provável a seleção de parentes.

Cunha et al., (2011), ao estudarem a influência de acasalamentos dirigidos sobre a endogamia média e o ganho genético em gerações discretas de seleção fenotípica, observaram maiores incrementos de endogamia na população sob acasalamento ao acaso quando comparada a exclusão de irmãos completos e meio irmãos. Os mesmos autores observaram também maior ganho genético por geração em acasalamento ao acaso e ordenação negativa dos animais quando comparado a exclusão de irmãos completos e meio irmãos e ordenação positiva dos animais.

Além disso, populações pequenas possivelmente possuem maior taxa de endogamia, pois em populações menores a chance de ocorrer acasalamento entre indivíduos aparentados é maior quando comparada a populações maiores.

O controle da taxa de endogamia é importante em programas de melhoramento, pois um alto incremento de endogamia aumenta a probabilidade de ocorrer depressão endogâmica. Trabalhos com populações de peixes (Arkushet al., 2002a) mostraram claramente que uma progênie com alta consanguinidade tem menor viabilidade, crescimento mais lento e menor resistência a infecção por protozoários.

Segundo Breda et al., (2004), como consequências de taxas elevadas de endogamia, tem-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pelos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, fenômeno conhecido por depressão endogâmica.

O valor de F, por si só, não é suficiente para compreensão do comportamento da endogamia na população. O “incremento de endogamia” (ΔF), que mede quanto o coeficiente de endogamia varia proporcionalmente de uma geração para outra subsequente, torna possível comparar os efeitos da endogamia sob diferentes sistemas de acasalamento (Falconer, 1987). Além disso, o incremento de endogamia é a chave para se estabelecer uma relação da população sob estudo com uma população ideal.

2.2.DEPRESSÃO ENDOGÂMICA

A depressão endogâmica é consequência do aumento da homozigose e decréscimo da heterozigose em virtude do acasalamento entre animais aparentados. Segundo Keller & Waller (2002), a depressão endogâmica geralmente causa respostas negativas no desempenho dos animais, pois normalmente mutações deletérias ocorrem em homozigose. Tendo em vista este conceito, pode-se inferir que a depressão endogâmica é o inverso da heterose, que é a manifestação de combinações gênicas favoráveis.

Existem, na literatura, duas hipóteses formuladas para explicar a existência da depressão endogâmica e a heterose (ganho em performance através de exogamia (adaptado de Wright 1977; Whitlock et al. 2002).

A primeira hipótese, sobredominância (East, 1908; Lush, 1945; Crow e Kimura, 1970), defendem que heterozigotos são naturalmente superiores a homozigotos. Com isso, redução da heterozigose através do incremento de endogamia resulta então em perda de valor genético em características associadas à performance e gera a depressão endogâmica. A segunda hipótese, dominância, Davenport (1908) defende que a maioria das mutações são neutras ou deletérias e geralmente recessivas (Mackay, 2001). Os genes favoráveis tendem a ser dominantes ou parcialmente dominantes. O aumento da proporção de homozigotos através da endogamia aumenta a probabilidade da expressão desses alelos deletérios, resultando em depressão endogâmica (Keller & Waller, 2002).

Gallardo et al., (2004), avaliaram uma população de salmão por quatro gerações, relacionando taxas de endogamia com efeitos da depressão endogâmica, e concluíram que todos os tratamentos tiveram redução nos

valores das características reprodutivas avaliadas, embora somente os índices gonadosomáticos tenham sido significativos e relacionados com a depressão endogâmica. A cada 10% de aumento da taxa de endogamia, houve redução de 5,3% nos índices gonadosomáticos.

Sewalemet al. (1999) avaliaram três linhagens de White Leghorn selecionadas para diferentes tratamentos de produção de ovos (peso de ovo, número de ovos e combinação entre massa de ovo), mostraram que o aumento na taxa de endogamia em reprodutores de poedeiras leves resultaram em decréscimo no desempenho reprodutivo como número de ovos, fertilidade dos ovos e eclodibilidade média.

Miglioret al. (1992b), investigaram a ocorrência de endogamia através de banco de dados de uma população de gado Jersey e concluíram que embora a maioria dos animais tenham sido endogâmicos, o coeficiente de endogamia médio calculado foi baixo, e animais com nível médio de endogamia não sofreram perdas significativas em características produtivas. Ainda neste trabalho, ressaltou-se que animais com endogamia superior a 12,5% sofreram perdas produtivas mais altas do que o esperado devido à depressão endogâmica.

Queiroz et al.(2000) encontraram efeito sobre os pesos à desmama e a os 365 dias na raça Gir. Falcão et al.(2001) verificaram redução no peso ao nascer e acréscimo no intervalo de partos em animais da raça Pardo-Suíça. Influência negativa da endogamia sobre os valores genéticos das características, com redução da produção total de leite e duração da lactação e aumento da idade ao primeiro parto e do intervalo entre partos, foi relatada para o ecótipo Mantiqueira (Silva et al., 2001).

2.3.TAMANHO EFETIVO

O tamanho efetivo da população representa o número de animais machos e fêmeas com igual contribuição, que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada. Através desse valor, é possível fazer comparações entre diferentes populações ou na mesma população em diferentes gerações.

Como, de forma simples, representa o número de indivíduos que contribuem para a próxima geração, torna-se um parâmetro chave para descrever a diversidade genética em populações e as extensões causadas por acasalamentos feitos de forma inapropriada. Isso significa que o tamanho efetivo (N_e) pode ser muito diferente do tamanho de uma população (N) quando há um desequilíbrio entre a proporção de machos e fêmeas usadas nos acasalamentos.

Na bovinocultura de corte é comum encontrar valores baixos de tamanho efetivo de população devido ao uso intensivo de poucos touros no rebanho. O uso de biotecnologias reprodutivas como transferência de embrião e inseminação artificial aceleraram o incremento de endogamia através da redução do número de reprodutores contribuindo geneticamente com o rebanho. Segundo Bredaet al. (2004), o coeficiente de endogamia depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população, em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e maior será o coeficiente de endogamia.

Garneroet al. (2008), relataram que o uso de inseminação artificial e transferência de embriões permitem utilização intensiva de animais com maior valor genético, da mesma forma em que propiciam aumento de animais endogâmicos.

Faria et al. (2001), realizaram um trabalho que apontou para um tamanho efetivo da população da raça Nelore de 68 animais, significando que na população total da raça no Brasil, há um incremento de consanguinidade por geração, na mesma magnitude que em uma pequena população, constituída de 34 machos e 34 fêmeas acasalando-se ao acaso na proporção 1:1 e deixando um casal de filhos cada.

O considerável aumento da endogamia e de sua taxa, entre gerações, acompanhadas pela contínua diminuição do tamanho efetivo da população de animais da raça Tabapuã, são fatores preocupantes para a manutenção da variabilidade genética e conservação da mesma. (Filhoetal., 2002).

A redução do tamanho efetivo pode ser atribuída a fatores como flutuações no tamanho populacional, desvios de razão de sexos de 1:1 e à diferença no sucesso reprodutivo, o que pode ser observado no aumento da variância do número de progênies. Goddard & Smith (1990) sugerem tamanho efetivo mínimo de 40 por geração para maximizar o retorno econômico em

população selecionada para produção de leite. Ao contrário, Meuwissen&Woolliams (1994) recomendaram valores entre 30 e 250 para prevenir decréscimos no valor adaptativo.

Faria (2002), ao estudar a estrutura populacional da raça Gir registrada no Brasil, entre os anos de 1979 e 1998, verificou decréscimo do tamanho efetivo populacional ($N_e = 45$), o que contribuiu para o aumento da taxa de endogamia total no período ($F = 2,28\%$). Os números efetivos de fundadores e de ancestrais também decresceram ao longo do período, atingindo valores de 284 e 211 animais, respectivamente.

A intensidade de seleção e o tamanho efetivo são fatores antagônicos, ou seja, quando se pratica alta intensidade de seleção, reduz-se o tamanho efetivo. É importante associar a estes dois fatores, o coeficiente de herdabilidade e trabalhar no sentido de se aumentar o coeficiente de herdabilidade, pela diminuição da variância ambiental. Os benefícios do aumento da herdabilidade são evidentes, pois com maior precisão na seleção, a adoção de alta intensidade de seleção pouco deverá contribuir para a perda aleatória de alelos favoráveis (Malhado et al., 2008).

3. METODOLOGIA

3.1. BANCO DE DADOS

Foram utilizados dados de codornas de corte (*Coturnixcoturnix*) de dois grupos genéticos, UFV1 e UFV2, criadas na Granja de Melhoramento de Aves da Universidade Federal de Viçosa (UFV), coletados de gerações criadas desde 2004.

As codornas, na fase inicial, foram criadas em boxe com piso de concreto e coberto com cama de maravalha, com aquecimento através de campânulas, com o máximo de 750 codornas para cada campânula. Cada animal foi devidamente identificado no dia do nascimento e pesado semanalmente até a sexta semana de idade, gerando sete características (P1, P7, P14, P21, P28, P35, P42). A seleção para peso corporal foi realizada ao 28º dia de idade, sendo que as 204 fêmeas mais pesadas foram transferidas para gaiolas para controle da produção de ovos, individualmente, e os 102 melhores machos, de cada linhagem, foram mantidos para reprodução, na proporção um macho para cada duas fêmeas.

Os animais foram distribuídos aleatoriamente e os pares de acasalamento escolhidos ao acaso sem restrição de parentesco. As codornas permaneceram nestas gaiolas de arame galvanizado com seis repartições nas medidas: 0,90 m de comprimento x 0,44m de largura x 0,23m de altura, com comedouro de chapa galvanizada, localizado fora das gaiolas e bebedouros externos, constituídos de canaletas plásticas de 70mm, colocados entre as fileiras das gaiolas, com água corrente.

O programa de iluminação adotado foi de 17 horas de luz contínuas, somando luz artificial e luz natural.

A coleta de ovos para o início de cada geração foi em média de dez dias. Os ovos, provenientes de cada fêmea, foram enumerados, armazenados no incubatório da UFV até completarem os 10 dias de coletas de ovos. Em seguida, foram incubados por 14 dias, transferidos ao nascedouro por 3 dias, com completa identificação dos pais. Após a eclosão, cada codorna foi identificada individualmente, para o controle de pedigree, através de anilhas colocadas na pata. Logo em seguida, as aves foram pesadas, transferidas e alojadas na Granja de Melhoramento de Aves da UFV. Todos os animais foram

submetidos às mesmas práticas de manejo já descritas anteriormente, quanto à seleção e acasalamentos.

O programa de alimentação foi dividido em inicial, do nascimento até 5% de postura do lote, e ração de postura, a partir de 5% de postura, sendo que, água e ração foram fornecidas *ad libitum*.

A maturidade sexual da fêmea foi considerada a idade ao primeiro ovo. A postura das fêmeas foi avaliada durante seis meses, a partir do 42º dia de idade, quando é iniciada a fase reprodutiva e controle de pedigree. Foi feita avaliação de componentes principais dos ovos de 35 em 35 dias a partir dos 42 dias de vida de cada fêmea, totalizando quatro períodos de análises, ou seja, aos 77, 112, 147 e 182 dias de vida do animal. Esses períodos são avaliados porque representam os pontos mais importantes da curva de postura das codornas (Ribeiro et al., 2012a). O primeiro período representa o período na qual as aves estão no início do ciclo de postura. O segundo, quando começam o pico de postura. O terceiro quando acaba o pico de postura e o quarto e último período representa o período no qual a taxa de postura já está em queda.

Para a execução deste trabalho, foram utilizados para avaliação do efeito do nível de endogamia em características reprodutivas: número de ovos até o segundo período de postura (NO112) e peso do ovo médio até o segundo período de postura (POM112). Multiplicando-se estes dois parâmetros obteve-se a massa de ovos para cada fêmea (MO112). Foi escolhido o segundo período (112 dias), pois segundo Ribeiro et al. (2012a), a correlação entre a produção até os 112 dias de idade e o período total de postura é considerada alta. Sendo assim, informações de postura até o segundo período já são suficientes para avaliar e selecionar os animais.

Para avaliação do efeito da endogamia sobre características de crescimento foram considerados: peso dos animais ao nascimento (P1) e aos 28 dias (P28), que é a idade de seleção e transferência para as gaiolas dos animais que serão utilizados para formação da geração seguinte.

3.2. ESTRUTURA DA POPULAÇÃO

O programa ENDOG 4.8 (Gutierrez & Goyache, 2005) foi utilizado para a análise do pedigree e a estimação dos parâmetros baseados na probabilidade de origem do gene, tamanho efetivo e intervalo de gerações.

O coeficiente de endogamia (F) para cada animal foi calculado através do algoritmo descrito por Meuwissen & Luo (1992). Este algoritmo calcula o coeficiente de endogamia de cada animal, baseado nas relações de parentescos conhecidas, não havendo ajustamento para informações de pedigree incompletas.

O incremento da endogamia foi calculado para cada geração, através da fórmula:

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

Sendo: ΔF o incremento de endogamia, F_t é o coeficiente médio de endogamia estimada na geração t (atual); F_{t-1} é o coeficiente médio de endogamia estimada na geração anterior.

O ΔF gerado permite o cálculo do tamanho efetivo da população (N_e), que foi estimado para dezessete gerações, de 2004 a 2013 por meio da taxa de variação dos coeficientes médios de endogamia entre gerações sucessivas, conforme a fórmula (Falconer & Mackay, 1996):

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

O coeficiente de relação médio, ou *average relatedness coefficient (CR)* (Gutiérrez & Goyache et al., 2005) é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente em toda uma população pertencer a um dado animal. CR pode ser interpretado como a representação do animal dentro de todo o pedigree independentemente do conhecimento do seu próprio pedigree. Para cálculo do coeficiente de parentesco médio, utilizou-se um algoritmo para obter um vetor c' , em que cada elemento corresponde ao CR do respectivo animal, definido como:

$$c' = (1/n) 1'A$$

Em que A é a matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco, de tamanho $n \times n$, e 1 é um vetor de um, de ordem $1 \times n$, sendo n o número de animais. O numerador da matriz de relacionamento foi obtida a partir de uma matriz P, em que p_{ij} é igual a 1, se j é pai de i e 0, caso contrário, a qual identifica os pais dos animais (Henderson, 1976; Quaas, 1976).

Gutiérrez et al., (2008, 2009) citaram vantagens do uso do coeficiente de relação médio (CR): baixo custo computacional para sua obtenção, uma vez que utiliza algoritmos comuns aos do cálculo da matriz de numeradores dos coeficientes de parentesco; pode ser utilizado como uma medida da endogamia em toda a população, por levar em consideração os coeficientes de endogamia e de parentesco; pode ser utilizado como um índice para manutenção do estoque genético inicial pela seleção de indivíduos para reprodução com menores valores de CR. Além disso, pode ser utilizado para calcular o tamanho efetivo de fundadores na população, pelo inverso da soma de quadrados dos coeficientes de relacionamento médio entre os animais fundadores. O CR de um fundador indica a probabilidade desse fundador realmente fazer parte da população base.

O número efetivo de fundadores representa o número de animais com igual contribuição que produziria a mesma variabilidade genética encontrada na população estudada (Lacy, 1989). Se os fundadores fossem usados igualmente em um programa de melhoramento, o número efetivo de fundadores e o número de fundadores seriam iguais. A aproximação clássica na determinação do número efetivo de fundadores foi obtida por:

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

Em que: q_k é a probabilidade de o gene escolhido aleatoriamente ser originado do fundador k , ou alternativamente, q_k é o CR do fundador k . (Gutiérrez & Goyache, 2005).

De maneira similar ao número efetivo de fundadores (f_e), foi calculado o número efetivo de ancestrais (f_a), que consiste em um número mínimo de ancestrais, não necessariamente fundadores, que explicam a completa diversidade genética da população (Boichard et al., 1997). Este parâmetro complementa a informação oferecida pelo número efetivo de fundadores, contabilizando para perdas de variabilidade genética produzida pelo uso desbalanceado de reprodutores que pode causar gargalos na população.

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

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

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

O intervalo de gerações, dado pela média de idade dos pais ao nascimento de sua prole, foi calculado pelo ENDOG 4.8, considerando as quatro vias (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha), usando apenas os animais cujas datas de nascimento são conhecidas.

3.3. VALOR GENÉTICO

Os valores genéticos dos animais foram preditos utilizando-se a função “BLUP” do programa WOMBAT (Meyer, 2006) para as características produtivas: peso médio do ovo até 112 dias (POM112), número de ovos até 112 dias (NO112), massa de ovos até 112 dias (MO112); e de crescimento: peso do animal ao nascimento (P1) e peso do animal aos 28 dias de idade (P28).

Os valores genéticos (VG) foram preditos através de análise bicaracterística, que são mais eficientes nas avaliações genéticas, em razão de estas considerarem associações entre as características e de permitirem a inclusão de correlações genéticas e fenotípicas na avaliação das mesmas (Henderson & Quaas, 1976), aumentando assim o número de informações.

Considera o valor do fenótipo do animal para a característica como fonte de informação para a estimação de parâmetros genéticos, predição de valores genéticos. Para isso, a característica base considerada foi o peso ao nascimento (P1) por ter maior número de valores fenotípicos coletados (dados não selecionados), em ambas as linhagens, permitindo assim estimativas de valores genéticos para as características nas quais o indivíduo não teve o valor fenotípico coletado.

O modelo linear misto pode ser representado por:

$$Y = X\beta + Za + e$$

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1\Phi \\ \Phi X_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1\Phi \\ \Phi Z_2 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Em que:

Y_1 é o vetor de valores fenotípicos das características (Y_1 é peso ao nascimento (P1) e Y_2 : peso aos 28 dias (P28) ou peso médio do ovo até 112 dias (POM112) ou número de ovos até 112 dias (NO112) ou massa de ovos até 112 dias (MO112);

X_1 e X_2 : matriz de incidência de efeitos fixos (de eclosão para todas as características e de sexo e eclosão para P1 e P28);

b_1 e b_2 : vetores de efeitos fixos;

Z_1 e Z_2 : matriz de incidência de efeitos aleatórios (genético aditivo);

a_1 e a_2 : vetores de efeitos aleatórios;

e_1 e e_2 : vetores de resíduos.

O modelo apresenta as seguintes pressuposições:

$$E \begin{pmatrix} Y \\ a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} + e \quad V \begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A \otimes G & 0 \\ 0 & I_n \otimes R \end{pmatrix}$$

Em que: G é a matriz de (co) variâncias aditivas, A é a matriz que contém os numeradores dos coeficientes de parentesco (NRM), R é a matriz de

variâncias residuais e I_n é uma matriz identidade de ordem dada pelo número de animais (n).

Em seguida, para estudo da tendência genética das populações, foram feitas regressões linear e quadrática do valor genético médio por geração para as características (P1, P28, POM112, NO112 e MO112) em função das gerações avaliadas.

O modelo usado foi:

$$Y_i = a + b_1 G_i$$
$$Y_i = a + b_1 G_i + b_2 G_i^2 + e_i$$

Em que:

Y_i : valor genético médio de cada geração i para as características P1, P28, POM112, NO112 e MO112;

a : constante inerente a todas as observações;

b_1 : coeficiente de regressão linear da característica avaliada em função da geração;

b_2 : coeficiente de regressão quadrático da característica avaliada em função da geração;

G_i : geração estudada (0 a 11 para UFV1 e 0 a 17 para UFV2);

e_i : o erro aleatório, considerado normal e independentemente distribuído, com média zero e variância σ_e^2 .

3.4. ESTUDO DO EFEITO DA EDOGAMIA

Para monitorar a endogamia na população, foi feita uma regressão linear e quadrática do valor de endogamia médio em função das gerações avaliadas.

O modelo usado foi:

$$Y_i = a + b_1 G_i + e_i$$
$$Y_i = a + b_1 G_i + b_2 G_i^2 + e_i$$

Em que:

Y_i : a endogamia média da geração i ;

a : a constante inerente a todas as gerações;

b_1 : o coeficiente de regressão linear da endogamia média em função da geração;

b_2 : coeficiente de regressão quadrática da endogamia média em função da geração;

G_i : geração i avaliada, sendo para UFV1 de 0 a 11 e para UFV2 de 0 a 17;

e_i : o erro aleatório, considerado normal e independentemente distribuído, com média zero e variância σ_e^2 .

A partir dos valores genéticos (VG) estimados para cada indivíduo e característica, foi feita uma regressão linear e quadrática em função do coeficiente de endogamia (F) de cada ave. A partir da análise de variância da regressão foi possível avaliar se houve ou não efeito significativo da endogamia sobre as características avaliadas.

As análises estatísticas foram feitas através do procedimento GLM (General Linear Models) do programa SAS 9.3 (Statistical Analysis System). (SAS, 2013).

O modelo utilizado nas análises de regressão para todas as características foi:

$$Y_i = a + b_1 F_i + e_i$$
$$Y_i = a + b_1 F_i + b_2 F_i^2 + e_i$$

Em que:

Y_i : o valor genético do animal i para a característica estudada (P1, P28, POM112, NO112 e MO112);

a : constante inerente a todas as observações;

b_1 : coeficiente de regressão linear do valor genético em função do coeficiente de endogamia;

b_2 : coeficiente de regressão quadrático do valor genético em função do coeficiente de endogamia;

F_i : coeficiente de endogamia do animal i ;
 e_i : o erro aleatório, considerado normal e independentemente distribuído,
com média zero e variância σ_e^2

4. RESULTADOS

4.1 - GRUPO GENÉTICO UFV1

4.1.1. ESTUDO DA ESTRUTURA DA POPULAÇÃO

Para estudo da estrutura de população da linhagem UFV1, foi calculado o grau de endogamia de 12.965 animais, distribuídos em 11 gerações, sendo a primeira avaliada em 2004 e a última em 2009.

O coeficiente de endogamia variou de 0 a 26,56% e a porcentagem de animais endogâmicos variou de 0 a 99,72%. O coeficiente de relacionamento variou de 0,01% a 2,46%. Ocorreram acasalamentos entre irmãos completos na frequência de 0,56% e entre meio irmãos em 0,62% da população.

Os parâmetros avaliados para estudo da estrutura da população para a linhagem UFV1 estão descritos na tabela 1.

Tabela1 - Estrutura de população da linhagem UFV1

Nº total de animais	12.965
F médio da população (%)	0,79
F entre animais endogâmicos (%)	1,23
Coeficiente de relacionamento médio (%)	1,31
Tamanho efetivo da população - N_e	330,18
Intervalo de geração (dias)	182
Incremento de endogamia ($\Delta F\%$)	0,15

F = coeficiente de endogamia

A tendência da endogamia está representada na figura 1 e a endogamia média por geração para a linhagem UFV1 está apresentada na figura 2.

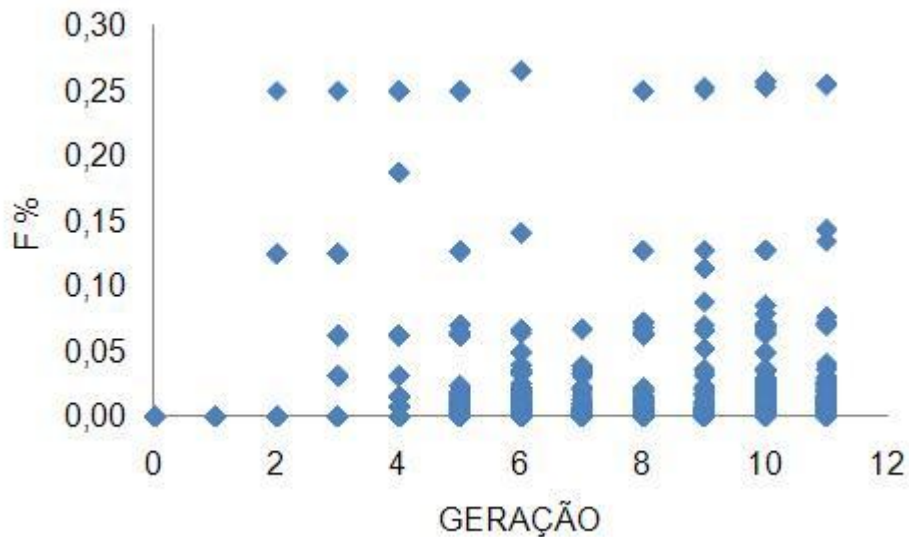


Figura 1. Tendência da endogamia (F) dos indivíduos ao longo das 11 gerações avaliadas da linhagem UFV1.

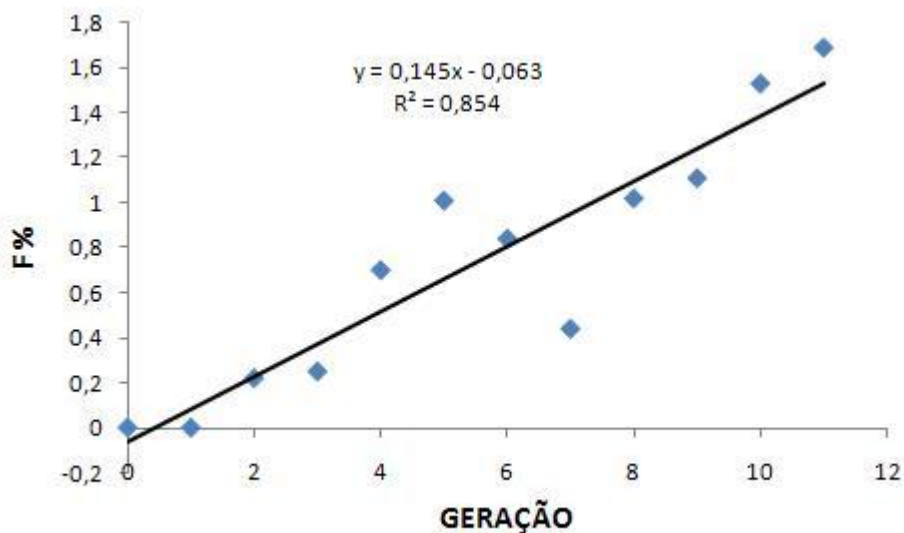


Figura 2. Endogamia média (F) por geração para a linhagem UFV1.

Foi constatado efeito linear ($p < 0,05$) da endogamia ao longo das gerações, com aumento de 0,145% de endogamia a cada geração.

Verifica-se que a taxa de endogamia começa a crescer a partir da segunda geração. Em relação aos fundadores, a população base foi composta de 644 animais, e o incremento da endogamia esperada pelo uso desbalanceado de reprodutores foi de 0,27%.

A população de referência é formada por animais com pai e mãe conhecidos, e totalizaram 12.321 indivíduos, dos quais 535 ancestrais contribuíram para a população de referência. O tamanho efetivo de fundadores

da população de referência foi 172, e somente 57 indivíduos dos ancestrais contribuíram com 50% da variabilidade da população.

4.1.2. VALOR GENÉTICO MÉDIO EM FUNÇÃO DAS GERAÇÕES

As características avaliadas estão descritas na tabela 2.

Tabela 2 - Estatística descritiva das características P1, P28, POM112, NO112, MO112 para a linhagem UFV1.

	Nº observações	Média	Mínimo	Máximo	Desvio Padrão
P1 (g)	12.356	9,57	5,30	13,56	1,09
P28 (g)	8.016	208,14	81,00	315,06	29,05
POM112 (g)	1.438	13,22	8,24	18,33	1,18
NO112 (und)	1.272	48,76	3	70	12,35
MO112 (g)	1.212	647,29	44,91	1.124,48	157,94

P1 = peso ao nascimento; P28 = peso aos 28 dias; POM112 = peso médio do ovo até os 112 dias; MO112 = massa de ovos até 112 dias.

O resumo da análise de variância das regressões linear e quadrática do valor genético médio em função das gerações está apresentado nas tabelas 3 a 7.

Tabela 3 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para peso ao nascimento (VG P1) em função das gerações.

Modelo	gl	<i>p</i> valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9184	Y = 0,051X - 0,137
Quadrático	2	= 0,0661	0,9450	Y = 0,002X ² + 0,02X - 0,084

Tabela 4 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para peso aos 28 dias (VG P28) em função das gerações.

	gl	<i>p</i> valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9041	Y = 2,395X - 6,027
Quadrático	2	<0,0001	0,9830	Y = 0,231X ² - 0,155X - 1,775

Tabela 5 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para peso médio do ovo até 112 dias (VG POM112) em função das gerações.

Modelo	gl	<i>p</i> valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9128	Y = 0,051X - 0,125
Quadrático	2	=0,0829	0,9387	Y = 0,002X ² + 0,02X - 0,073

Tabela 6 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para número de ovos até 112 dias (VG NO112) em função das gerações.

Modelo	gl	p valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9092	Y = - 0,108X + 0,231
Quadrático	2	= 0,3899	0,9167	Y = - 0,003X ² - 0,072X + 0,171

Tabela 7 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para massa de ovos até 112 dias (VG MO112) em função das gerações.

Modelo	gl	p valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	0,7831	0,0079	Y = 0,008X - 0,408
Quadrático	2	0,0026	0,7341	Y = 0,028X ² - 0,298X + 0,104

O valor genético médio para a característica peso ao nascimento (P1) da linhagem UFV1 está representado na figura 3.

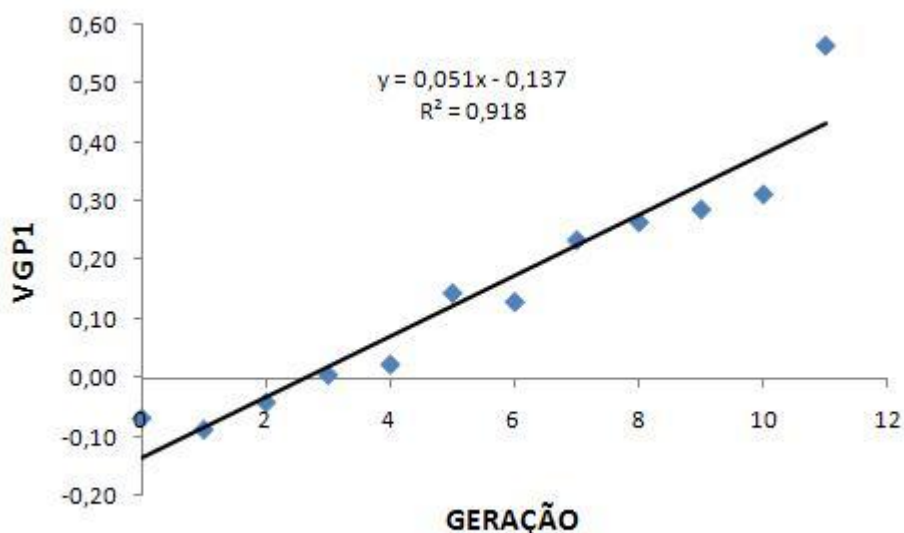


Figura 3. Valor genético médio para peso ao nascimento (VG P1) em função das gerações avaliadas na linhagem UFV1.

O valor genético médio para peso aos 28 dias (VG P28) em função das gerações está representado na figura 4.

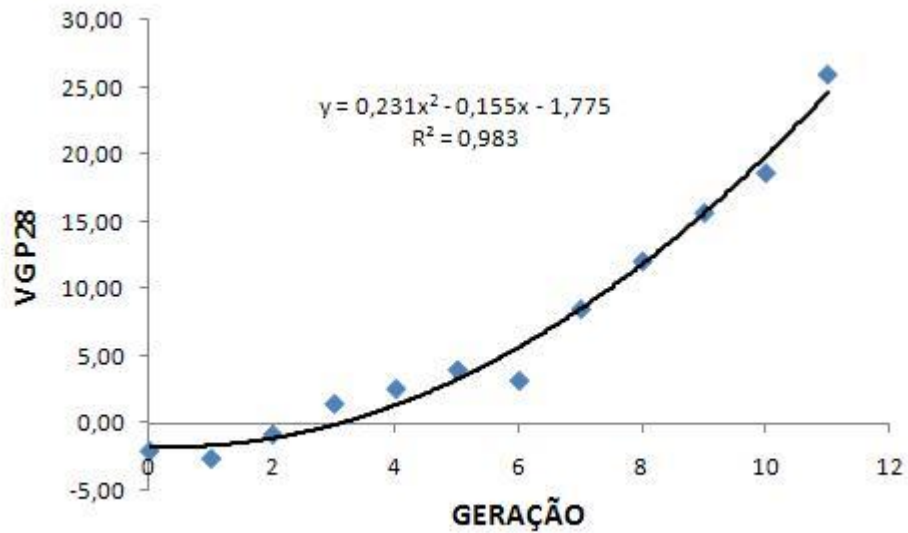


Figura 4. Valor genético médio para peso aos 28 dias (VG P28) em função das gerações avaliadas na linhagem UFV1.

O valor genético médio para peso médio do ovo até os 112 dias (VG POM112) em função das gerações está representado na figura 5.

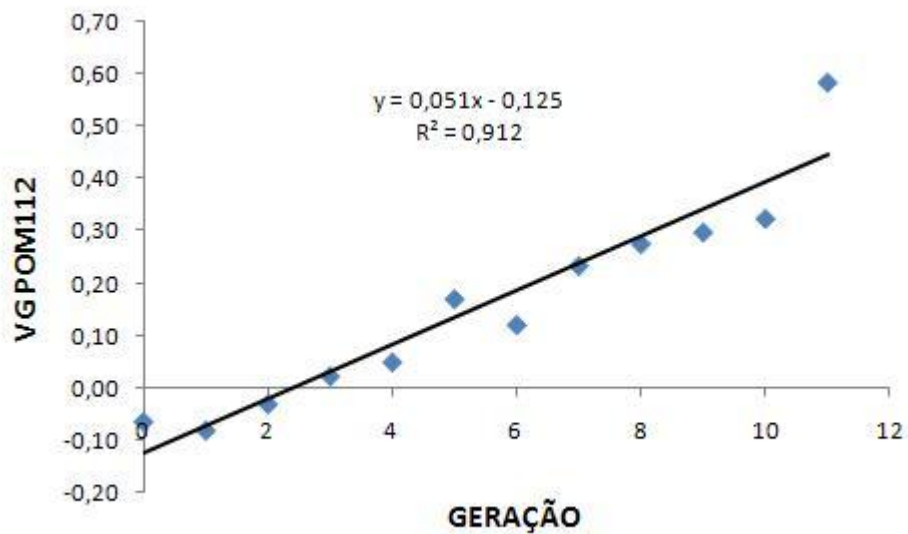


Figura 5. Valor genético médio para peso médio do ovo até 112 dias (VG POM112) em função das gerações avaliadas na linhagem UFV1.

O valor genético médio para número de ovos até os 112 dias (VGNO112) em função das gerações está representado na figura 6.

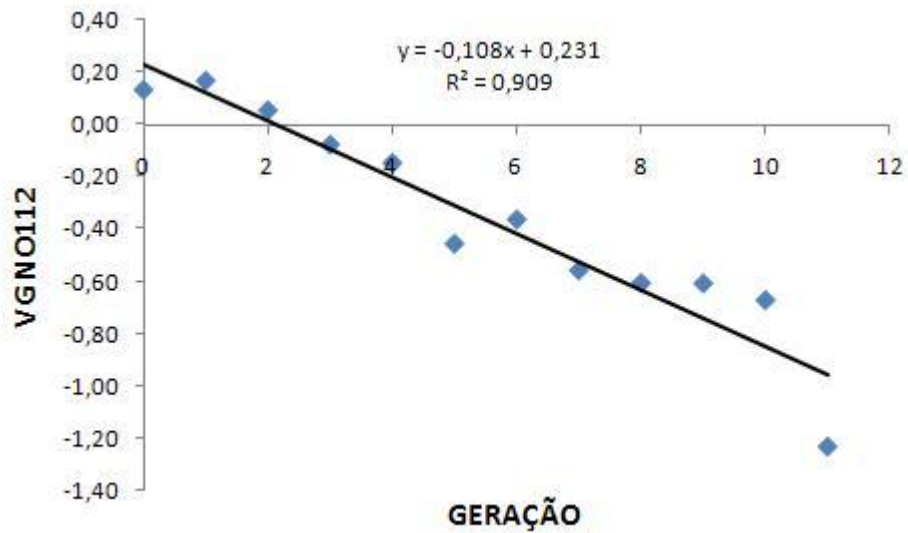


Figura 6. Valor genético médio para número de ovos até 112 dias (VG NO112) em função das gerações avaliadas na linhagem UFV1.

O valor genético médio para massa de ovos até os 112 dias (VG MO112) em função das gerações está representado na figura 7.

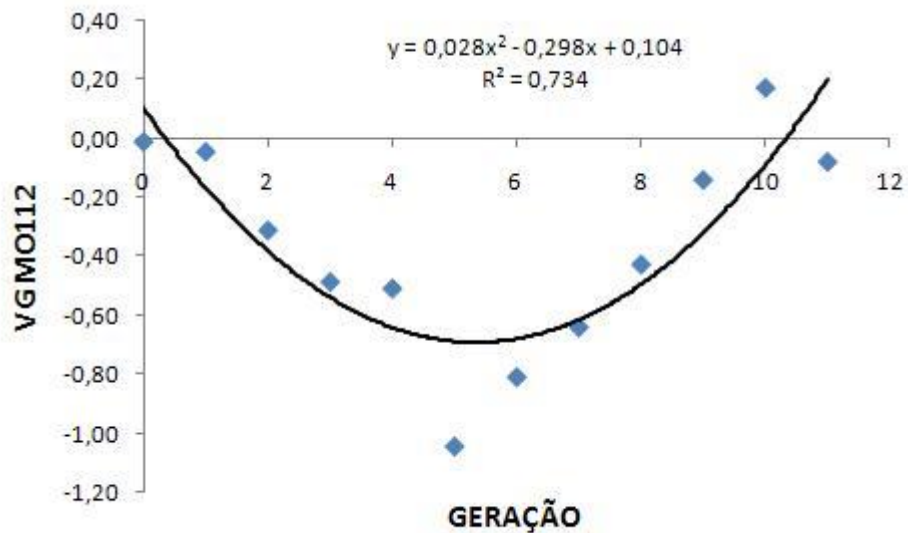


Figura 7. Valor genético médio para massa de ovos até 112 dias (VG MO112) em função das gerações avaliadas.

4.1.3 ESTUDO DO EFEITO DA ENDOGAMIA

As análises de variância resumidas da regressão linear e quadrática do valor genético em função do grau de endogamia estão apresentadas nas tabelas 8 a 12.

Tabela 8 - Resumo da análise de variância da regressão para peso ao nascimento (P1) e taxa de endogamia (F)

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,001	0,0036	VG = 0,014F + 0,147
Quadrático	2	<0,001	0,100	VG = -0,002F ² + 0,055F + 0,128

Tabela 9 - Resumo da análise de variância da regressão para peso aos 28 dias (P28) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0121	VG = 0,511F + 7,158
Quadrático	2	<0,0001	0,0417	VG = -0,091F ² + 2,242F + 6,372

Tabela 10 - Resumo da análise de variância da regressão para peso médio do ovo até 112 dias (POM 112) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0038	VG = 0,014F + 0,163
Quadrático	2	<0,0001	0,0105	VG = -0,002F ² + 0,055F + 0,144

Tabela 11 - Resumo da análise de variância da regressão para número de ovos até 112 dias (NO 112) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0061	VG = -0,040F - 0,373
Quadrático	2	<0,0001	0,0152	VG = 0,005F ² - 0,146F - 0,324

Tabela 12 - Resumo da análise de variância da regressão para massa de ovos até 112 dias (MO 112) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0025	VG = -0,098F - 0,373
Quadrático	2	<0,0001	0,0043	VG = 0,009F ² - 0,271F - 0,294

4.1.4 VALOR GENÉTICO EM FUNÇÃO DA ENDOGAMIA

A tendência do valor genético dos animais para a característica peso ao nascimento (P1) em função da taxa de endogamia (%) está apresentada na figura 8.

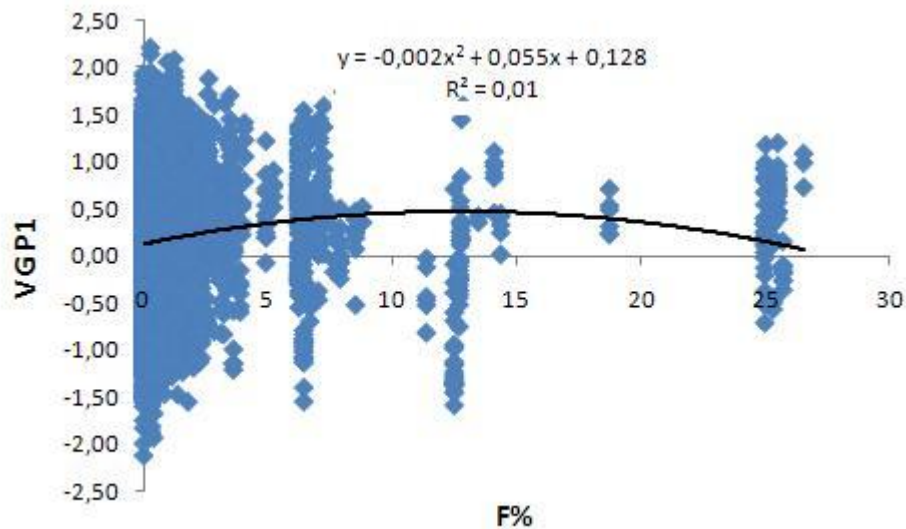


Figura 8. Tendência do valor genético para a característica peso ao nascimento (P1) em função da taxa de endogamia (F) na linhagem UFV1.

A tendência do valor genético para peso aos 28 dias (VGP28) em função da taxa de endogamia (F) está representada na figura 9.

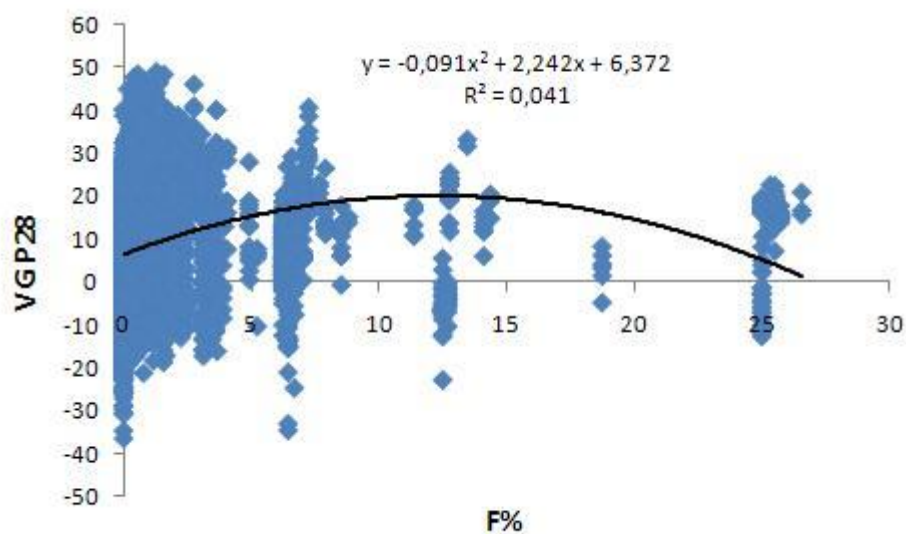


Figura 9. Tendência do valor genético para peso aos 28 dias (VGP28) em função do coeficiente de endogamia dos indivíduos (F) na linhagem UFV1.

A tendência do valor genético para peso médio do ovo até os 112 dias de vida (POM112) em função da endogamia (F) está representada na figura 10.

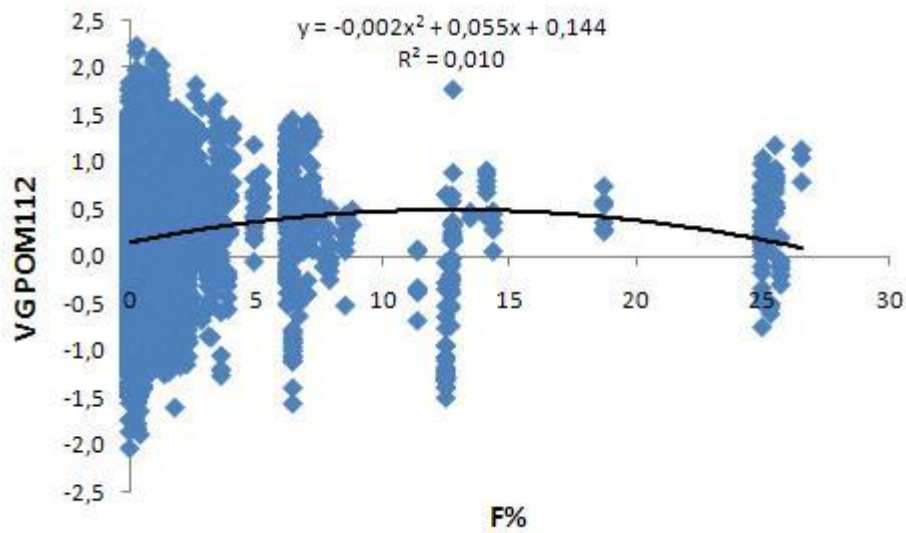


Figura 10. Tendência do valor genético para peso médio do ovo (VG POM112) até 112 dias em função do grau de endogamia (F) na linhagem UFV1.

A tendência do valor genético para número de ovos até os 112 dias de vida (NO112) em função da endogamia (F) está representada na figura 11.

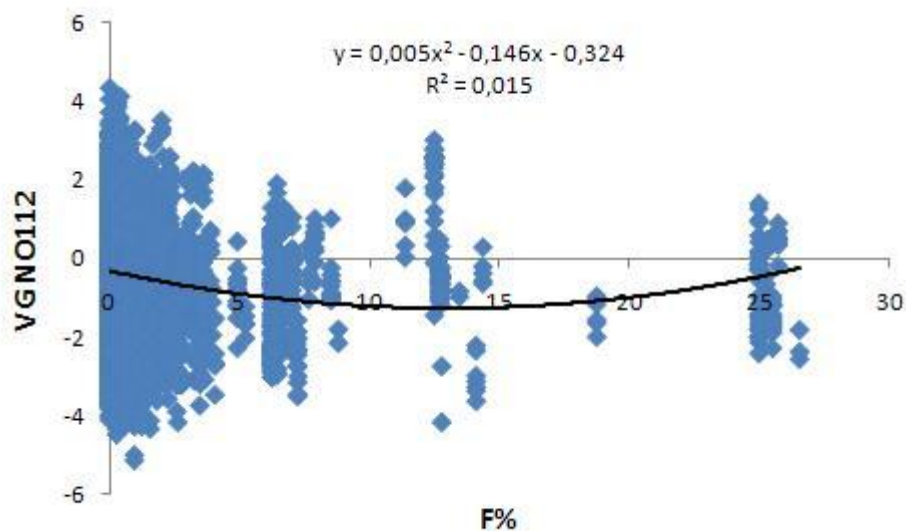


Figura 11. Tendência do valor genético para número de ovos (VGNO112) até 112 dias em função do grau de endogamia na linhagem UFV1.

A tendência do valor genético para massa de ovos até os 112 dias(MO112) em função da endogamia (F) está representada na figura 12.

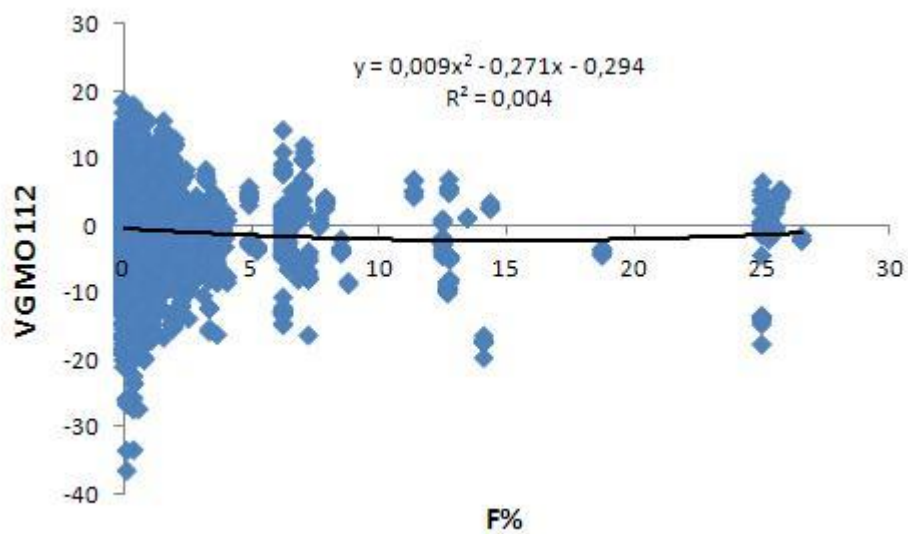


Figura 12. Tendência do valor genético para massa de ovos até 112 dias (MO112) em função do coeficiente de endogamia (F)na linhagem UFV1.

4.2- GRUPO GENÉTICO UFV2

4.2.1 ESTUDO DA ESTRUTURA DA POPULAÇÃO

Para estudo da estrutura de população da linhagem UFV2, foi calculado o grau de endogamia de 18.393 animais, distribuídos em dezessete gerações, sendo a primeira avaliada em 2004 e a última em 2013.

A partir da 7ª geração todos os animais foram endogâmicos, ou seja, tinham genes em comum por ascendência, em diferentes taxas. A taxa de endogamia (F) variou de 0 a 28,4%. O coeficiente de relacionamento variou de 0,01 a 5%. Ocorreram acasalamentos entre irmãos completos na frequência de 0,85% e entre meio irmãos entre 0,32% dos animais.

Os parâmetros avaliados para estudo da estrutura da população para a linhagem UFV2 estão descritos na tabela 13.

Tabela13 - Estrutura de população da linhagem UFV2

Nº total de animais	18.383
F médio da população (%)	1,82
F entre animais endogâmicos (%)	2,96
Coeficiente de relacionamento médio (%)	2,97
Tamanho efetivo da população - N_e	194,58
Intervalo de geração (dias)	177
Incremento de endogamia (ΔF %)	0,26

F = coeficiente de endogamia

A tendência da endogamia ao longo das gerações avaliadas está representada na figura 13:

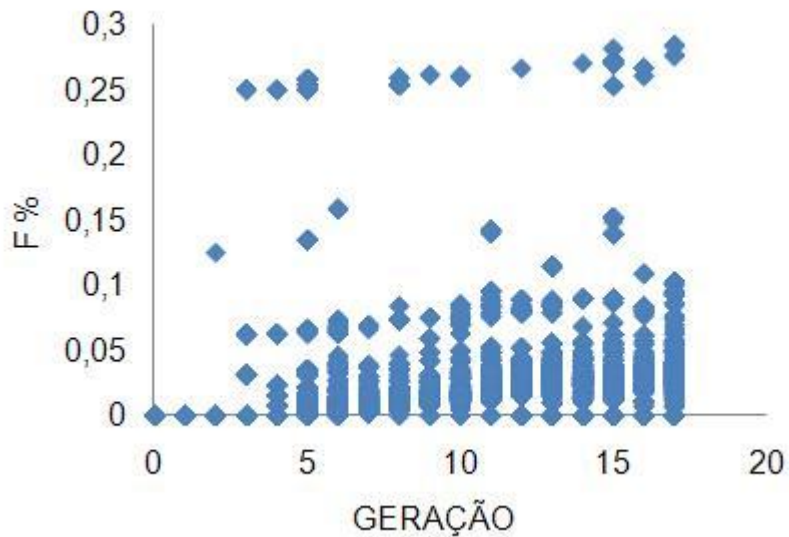


Figura13. Tendência da endogamia (F%) dos indivíduos ao longo das 17 gerações avaliadas.

A endogamia média por geração está apresentada na figura 14.

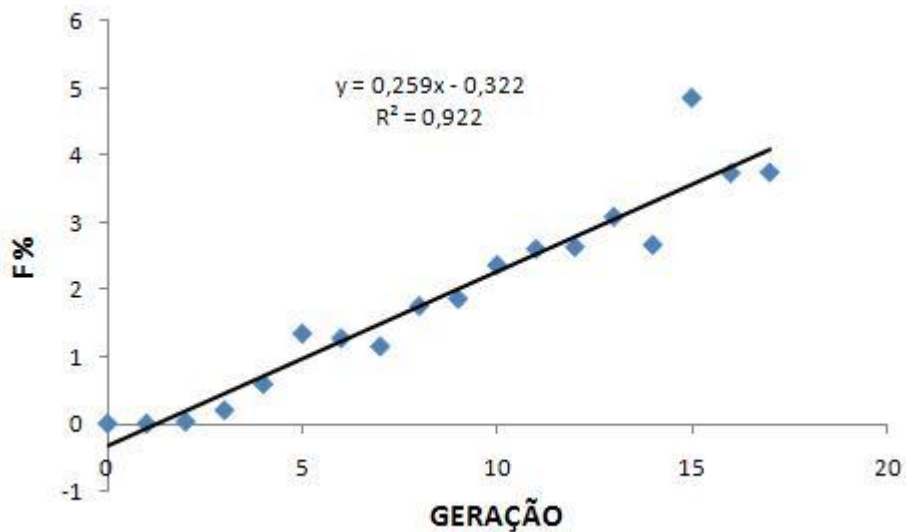


Figura 14. Endogamia média (F %) por geração.

Houve efeito linear ($p < 0,05$) da endogamia média em função das gerações, com aumento de 0,259% de endogamia a cada geração.

A taxa de endogamia começa a crescer a partir da segunda geração. Em relação aos fundadores, a população base é composta de 422 animais, e o incremento da endogamia esperada pelo uso desbalanceado de reprodutores foi de 0,43%. Já o tamanho efetivo da população de fundadores foi 116,36.

A população de referência é formada por animais com pai e mãe conhecidos, e totalizam 17.860 indivíduos, dos quais 360 ancestrais contribuíram para a população de referência. O tamanho efetivo de fundadores da população de referência foi 99,4.

4.2.2. VALOR GENÉTICO MÉDIO EM FUNÇÃO DAS GERAÇÕES

As características avaliadas estão descritas na tabela 14.

Tabela14 – Estatística descritiva das características P1, P28, POM112, NO112 e MO112 para a linhagem UFV 2.

	N° observações	Média	Mínimo	Máximo	Desvio Padrão
P1 (g)	18.061	9,96	5,60	16,09	1,17
P28(g)	12.097	218,09	58,00	573,66	32,75
POM112 (g)	2.288	13,98	8,45	21,41	1,49
NO112 (und)	2.703	46,68	1	70	15,49
MO112 (g)	2.199	682,36	11,40	1209,44	199,24

P1 = peso ao nascimento; P28 = peso aos 28 dias; POM112 = peso médio do ovo até os 112 dias; MO112 = massa de ovos até 112 dias.

O resumo da análise de variância das regressões linear e quadrática do valor genético médio em função das gerações está apresentado nas tabelas 15 a 19.

Tabela 15 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para peso ao nascimento (VG P1) em função das gerações.

Modelo	gl	<i>p</i> valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9182	Y = 0,0432X - 0,0958
Quadrático	2	=0,7003	0,9191	Y = - 0,00028X ² + 0,048X - 0,108

Tabela 16 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para peso aos 28 dias (VG P28) em função das gerações.

Modelo	gl	<i>p</i> valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9431	Y = 2,489X - 8,658
Quadrático	2	=0,1711	0,9500	Y = 0,046X ² + 1,706X - 6,570

Tabela 17 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para peso médio do ovo até 112 dias (VG POM112) em função das gerações.

Modelo	gl	<i>p</i> valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,9171	Y = 0,043X - 0,121
Quadrático	2	=0,9159	0,9172	Y = - 0,00007X ² + 0,044X - 0,124

Tabela 18 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para número de ovos até 112 dias (VG NO112) em função das gerações.

Modelo	gl	p valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,8074	Y = - 0,068X + 0,179
Quadrático	2	=0,3519	0,8186	Y = 0,001X ² - 0,098X + 0,259

Tabela 19 - Resumo da análise de variância para valor genético médio para massa de ovos até 112 dias (VG MO112) em função das gerações.

Modelo	gl	p valor	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,6386	Y = 0,240X + 0,368
Quadrático	2	=0,3959	0,6561	Y = - 0,008X ² + 0,386X - 0,021

O valor genético médio para peso ao nascimento (P1) em função das gerações está apresentado na figura 15.

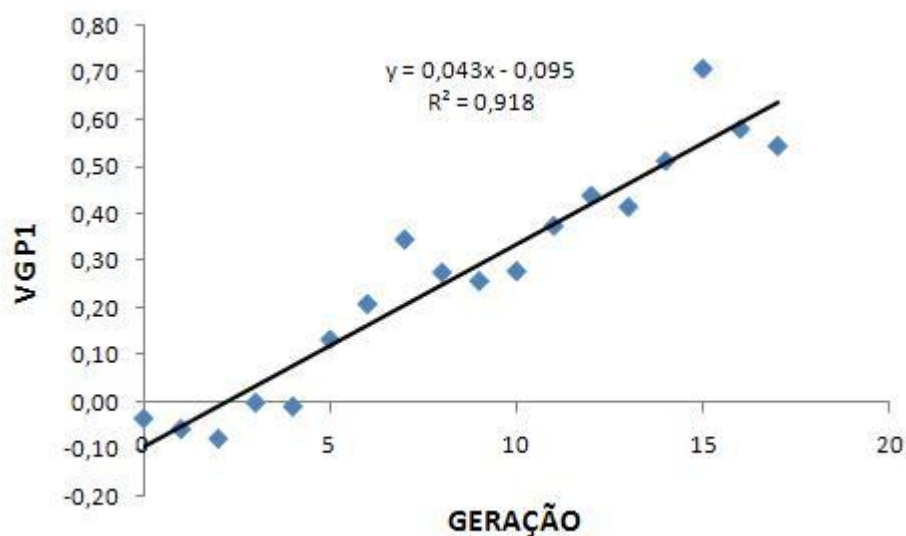


Figura 15. Valor genético médio para peso ao nascimento (VG P1) em função das gerações da linhagem UFV2.

O valor genético médio para peso aos 28 dias está apresentado na figura 16.

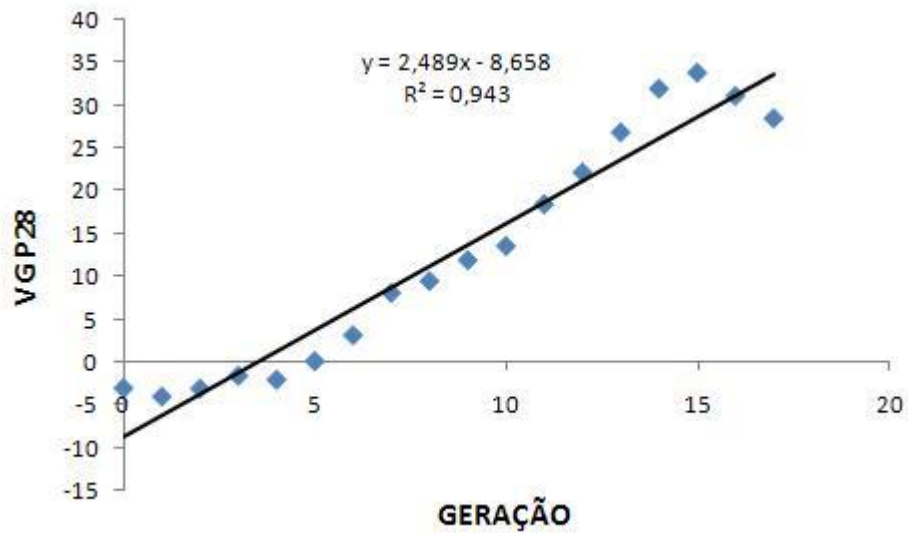


Figura 16. Valor genético médio para peso aos 28 dias (VGP28) em função das gerações na linhagem UFV2.

O valor genético médio para peso médio do ovo até os 112 dias está apresentado na figura 17.

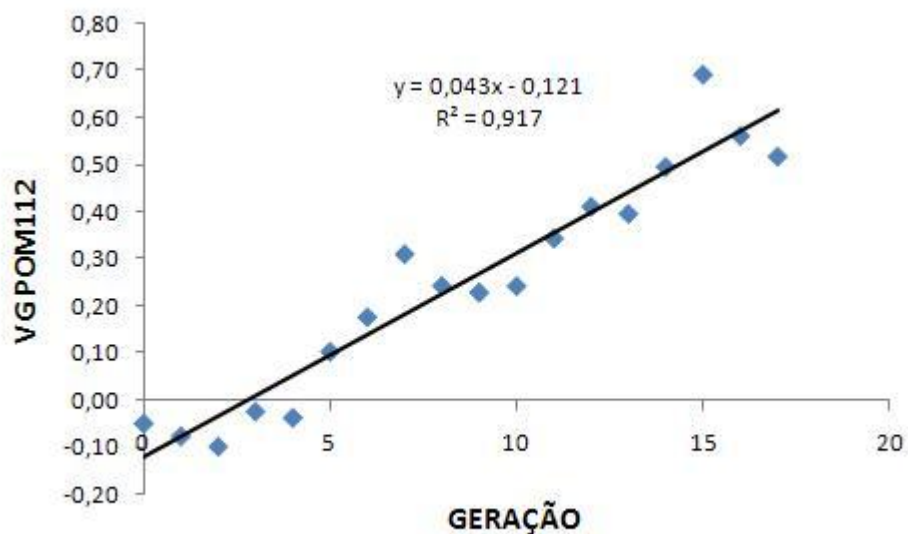


Figura 17. Valor genético médio para peso médio do ovo até os 112 dias (VGPOM112) em função das gerações na linhagem UFV2.

O valor genético médio para número de ovos até os 112 dias está apresentado na figura 18.

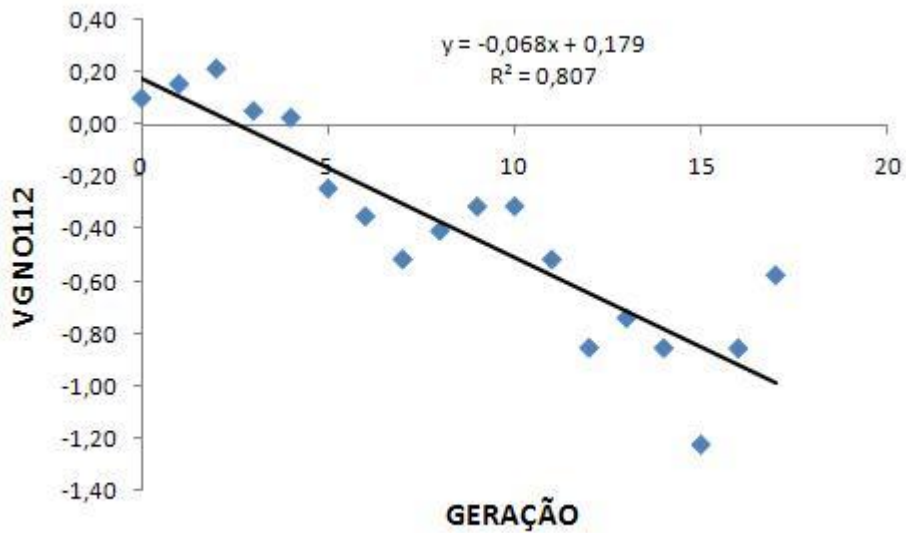


Figura 18. Valor genético médio para número de ovos até os 112 dias (VG NO112) em função das geraçõesna linhagem UFV2.

O valor genético médio para massa de ovos até os 112 dias está apresentado na figura 19.

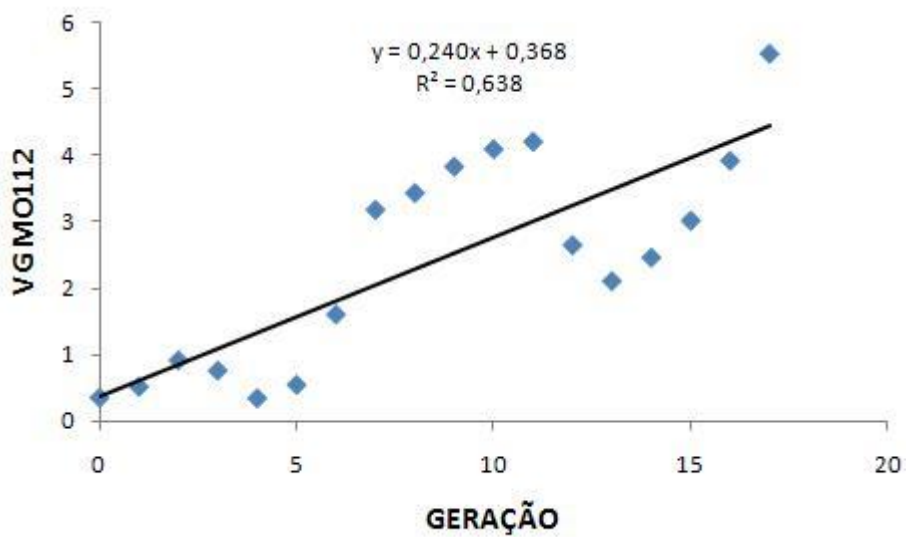


Figura 19. Valor genético médio para massa de ovos até os 112 dias (VG MO112) em função das geraçõesna linhagem UFV2.

4.2.3 ESTUDO DO EFEITO DA ENDOGAMIA

As análises de variâncias resumidas para a regressão linear e quadrática das características em função da endogamia estão apresentadas nas tabelas 20 a 24.

Tabela 20 - Resumo da análise de variância da regressão para peso ao nascimento (P1) e taxa de endogamia (F)

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,001	0,0192	VG = 0,030F + 0,195
Quadrático	2	<0,001	0,043	VG = - 0,003F ² + 0,095F + 0,118

Tabela 21 - Resumo da análise de variância da regressão para peso aos 28 dias (P28) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,1121	VG = 1,762F + 7,802
Quadrático	2	<0,0001	0,322	VG = - 0,235F ² + 6,312F + 2,425

Tabela 22 - Resumo da análise de variância da regressão para peso médio do ovo até 112 dias (POM 112) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0199	VG = 0,030F + 0,169
Quadrático	2	<0,0001	0,0465	VG = -0,003F ² + 0,0953F - 0,0927

Tabela 23 - Resumo da análise de variância da regressão para número de ovos até 112 dias (NO 112) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0093	VG = - 0,0469F - 0,2954
Quadrático	2	<0,0001	0,0242	VG = 0,0057F ² - 0,1588F + 0,1636

Tabela 24 - Resumo da análise de variância da regressão para massa de ovos até 112 dias (MO 112) e taxa de endogamia (F).

Modelo	gl	<i>p valor</i>	R ²	Equação da regressão
Linear	1	<0,0001	0,0046	VG = 0,148F + 1,912
Quadrático	2	<0,0001	0,0143	VG = - 0,021F ² + 0,554F + 1,443

4.2.4 VALOR GENÉTICO EM FUNÇÃO DA ENDOGAMIA

O valor genético dos animais para peso ao nascimento (P1) em função da endogamia está representado na figura 20.

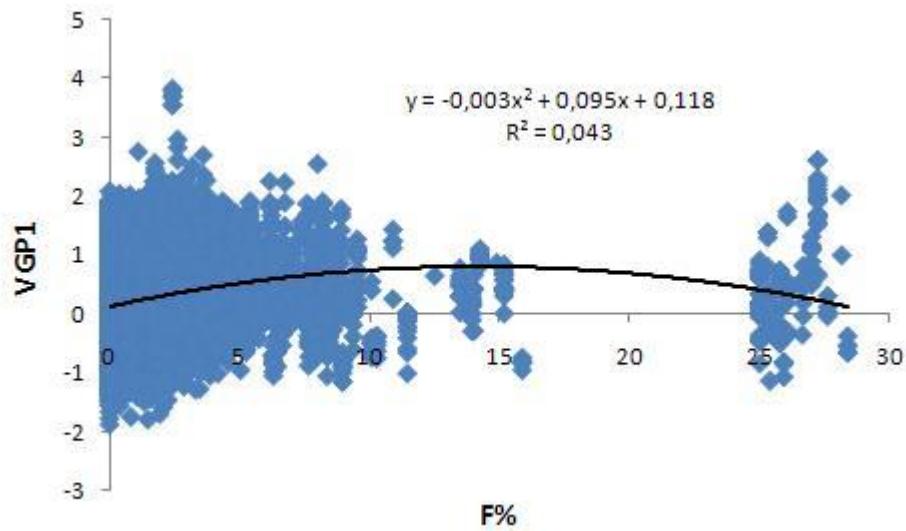


Figura 20. Tendência do valor genético dos indivíduos para peso ao nascimento (VGP1) em função do grau de endogamia (F) para a linhagem UFV2.

O valor genético dos animais para peso aos 28 dias (VGP28) está representado na figura 21.

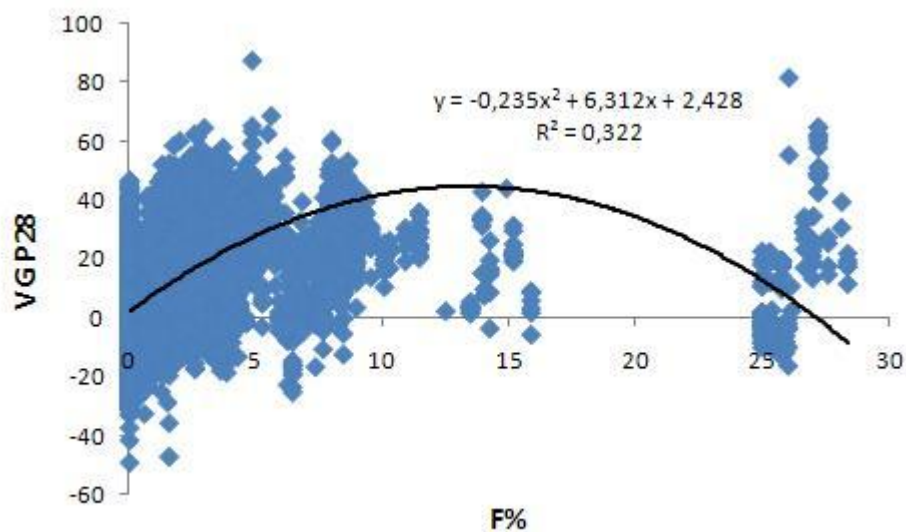


Figura 21. Tendência do valor genético dos indivíduos para peso aos 28 dias (VGP28) em função do grau de endogamia (F) para a linhagem UFV2.

O valor genético dos animais para peso médio do ovo até os 112 dias de idade (POM112) está apresentado na figura 22.

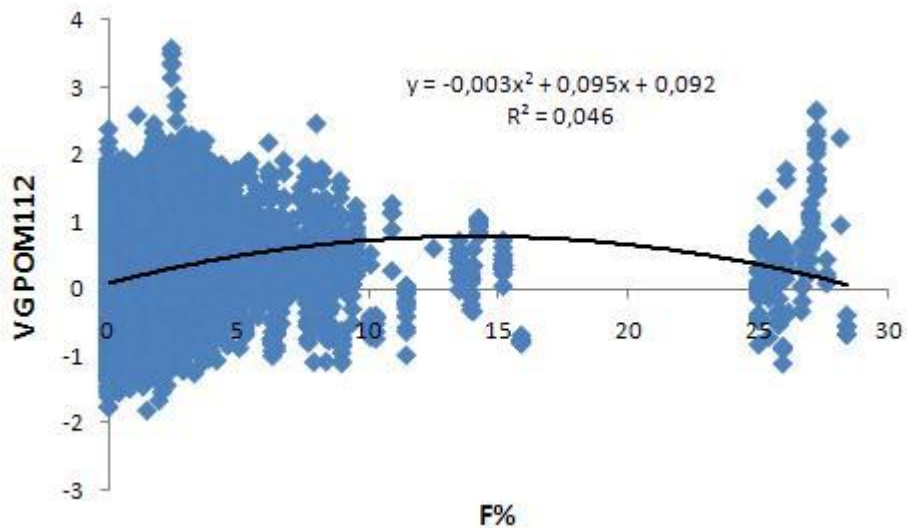


Figura 22. Tendência do valor genético dos animais para peso médio do ovo aos 112 dias (VG POM112) em função da taxa de endogamia (F) para a linhagem UFV2.

O valor genético dos animais para peso número de ovos até os 112 dias de idade (NO112) está apresentado na figura 23.

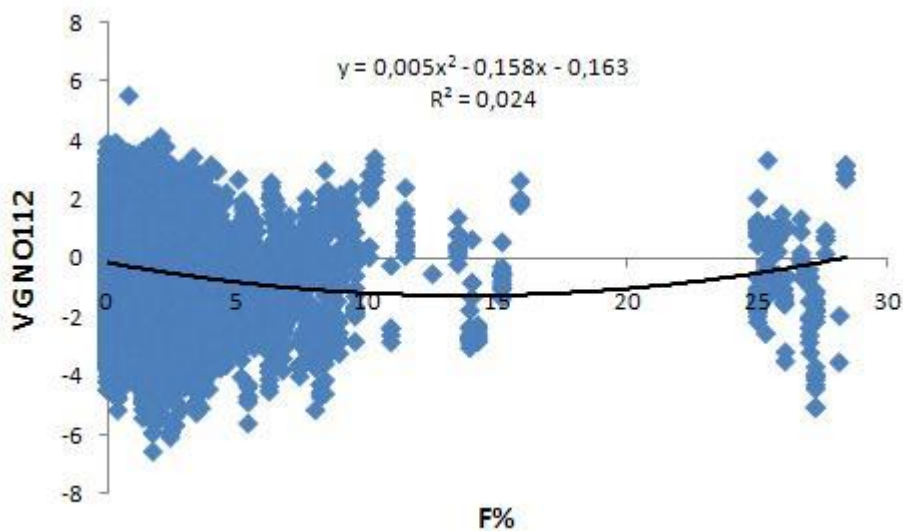


Figura 23. Tendência do valor genético para número de ovos até 112 dias (VG NO112) em função do coeficiente de endogamia (F) para a linhagem UFV2.

O valor genético dos animais para massa de ovos até os 112 dias de idade (MO112) está apresentado na figura 24.

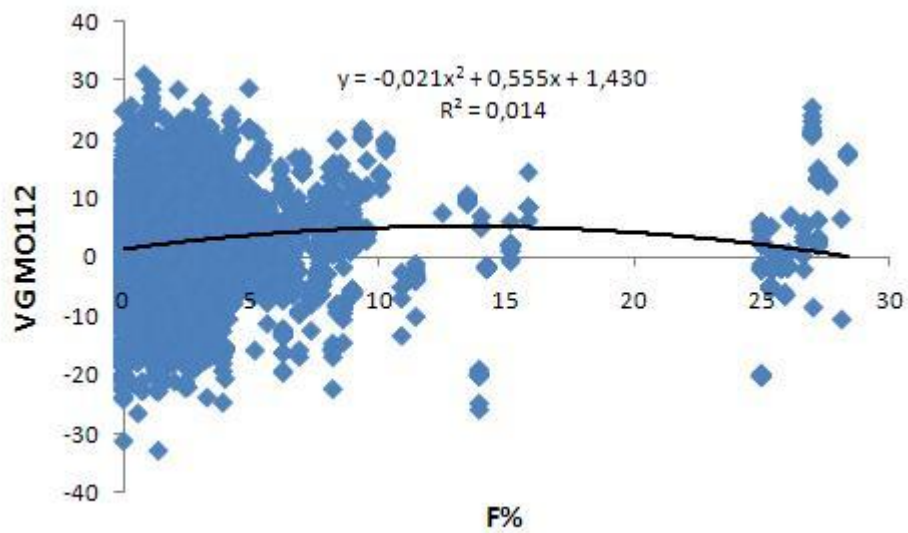


Figura 24. Tendência do valor genético para massa de ovos até 112 dias (VG MO112) em função do coeficiente de endogamia (F) para a linhagem UFV2.

4. DISCUSSÃO

5.1. GRUPO GENÉTICO UFV1

Como a endogamia é a proporção de genes em comum por ascendência, e os animais fundadores são compostos por animais de genealogia desconhecida, tem-se $F=0$. Ao longo das gerações, o conhecimento e controle da genealogia permitiram o cálculo da endogamia para cada indivíduo de forma mais acurada. A partir da segunda geração já se pode observar indivíduos endogâmicos, com taxa de endogamia de 25%, que corresponde a um F proveniente de acasalamento entre irmãos completos, o que, de fato, pode ocorrer, visto que a escolha dos reprodutores é feita sem restrição de parentesco.

Embora 99,72% dos indivíduos tenham genes em comum por ascendência, o grau de endogamia médio na linhagem UFV1 é considerado baixo (0,79%). É importante ressaltar que o grau de endogamia aumentou ao longo das gerações, o que pode ser considerado normal, visto que não há inclusão de reprodutores provenientes de outra população. Kim et al. (2007) encontraram valores de endogamia média de 0,42% em uma população de codornas japonesas.

Segundo Queiroz et al. (2000), o comportamento crescente da endogamia por geração deve-se à própria estrutura das populações, cujos animais fundadores são pouco aparentados ou de genealogia desconhecida e, com o passar do tempo, mediante a ocorrência de acasalamentos, aumenta o grau de parentesco entre os indivíduos, o que leva à endogamia.

Em relação aos ancestrais, 535 ancestrais contribuíram para a população de referência. O tamanho efetivo de fundadores da população de referência foi 172, e somente 57 indivíduos dos ancestrais contribuíram com 50% dos genes da população. O prolongado uso de poucos animais contribuindo para formação das próximas gerações acelera o incremento de endogamia e reduzem o tamanho efetivo da população.

O acasalamento entre irmãos completos e entre meio-irmãos ocorreu em baixas frequências (0,56% e 0,62%, respectivamente), e sua ocorrência se deve ao fato dos reprodutores acasalados aleatoriamente, sem restrição de parentesco. Ralls et al. (1986) revisaram 28 trabalhos em populações selvagens

e encontraram acasalamentos entre irmãos completos e meio irmãos na frequência entre 0 a 6% de todos os acasalamentos.

O incremento de endogamia por geração na linhagem UFV1 foi baixo (+0,15%) e pode ser explicado pelo elevado tamanho efetivo da população. O alto tamanho efetivo de população pode ser atribuído a proporção de machos e fêmeas utilizados nos acasalamentos (um macho para duas fêmeas). Quanto maior o tamanho efetivo da população, mais animais contribuem geneticamente para formação das próximas gerações. Sendo assim, a probabilidade de acasalamentos entre indivíduos mais aparentados diminui, e concomitantemente, diminui também o incremento de endogamia por geração.

Oliveira et al. (2006) calcularam endogamia em populações simuladas de frango de corte submetidas a diferentes tipos de seleção (seleção individual e pelos valores genéticos preditos pelo BLUP) e concluíram que sistemas de acasalamento que restringem os acasalamentos entre irmãos completos são importantes no controle da endogamia quando se utiliza os valores genéticos preditos pelo BLUP em programas de seleção de frangos de corte. Confirmando este resultado, Silva et al (2001), em um estudo com rebanho fechado, observaram que a seleção com base nos valores genéticos estimados pode aumentar a endogamia, uma vez que aumenta a chance de parentesco entre os animais de maior mérito genético.

A partir das figuras 3, 4 e 5 é possível notar que o valor genético para P1, P28 e POM112 aumentou ao longo das gerações. Isso pode ser explicado pela seleção das matrizes, que é feita baseada no maior peso corporal. Como o peso corporal tem correlação positiva com o peso médio do ovo, a seleção para maior peso corporal implica em aumento do peso médio do ovo também.

A figura 6 mostra que o valor genético médio para número de ovos diminuiu com o passar das gerações. Isso pode ser explicado pela correlação negativa entre peso de ovo e número de ovos. Codornas que botam ovos maiores tendem a ter uma taxa de postura inferior. E como a seleção por peso das matrizes aumentou o peso do ovo, conseqüentemente causou decréscimo no número de ovos.

Para a massa de ovos (figura 7), o valor genético médio apresentou um efeito quadrático, com ponto de mínimo na quinta geração, aproximadamente. Como massa de ovos é o produto entre peso de ovos e número de ovos, quando o decréscimo no número de ovos foi maior do que o aumento no peso

do ovo, houve redução do valor genético para massa de ovos. Quando o peso do ovo aumentou em uma proporção maior do que o número de ovos, então a massa de ovos aumentou.

Embora tenha havido incremento da endogamia por geração, também houve incremento no valor genético para P1, P28 e POM112 por geração, mostrando que a seleção por peso corporal tem sido eficiente, e o ganho genético tem sido superior às perdas por depressão endogâmica. Em termos práticos, ao realizar duas gerações por ano com seleção para maior peso corporal aos 28 dias, tem-se aumento de aproximadamente 0,1g por ano no peso ao nascimento dos animais e 0,1g por ano para peso médio do ovo.

Schenkelet al. (2002) concluíram que programas de melhoramento bem conduzidos, alcançam ganho genético muito superior (de pelo menos 10 vezes) a esta perda estimada, o que evidencia que a seleção pode ser efetiva em (mais do que) compensar o efeito negativo da depressão endogâmica.

Em relação ao efeito da endogamia nas características de crescimento, foi observado efeito quadrático da endogamia sobre o peso ao nascimento (P1) e aos 28 dias (P28), cujas equações de regressão foram apresentadas nas figuras 8 e 9. O valor genético para P1 e P28 foi menor quando F foi maior que 13,75% e 12,3%, respectivamente, o que pode ser observado nas figuras 8 e 9, respectivamente.

Houve efeito quadrático da endogamia sobre o peso médio do ovo aos 112 dias (POM112), número de ovos até os 112 dias (NO112) e massa de ovos até 112 dias (MO112), mostrados nas tabelas 10, 11 e 12. Para peso médio do ovo, o valor genético dos indivíduos com taxa de endogamia maior que 13,75% foram inferiores ao valor genético dos indivíduos com menor taxa de endogamia. Em relação ao número de ovos e massa de ovos, houve efeito positivo de taxas mais elevadas de endogamia. Para número de ovos, o valor genético teve ponto de mínimo igual a 14,6% (figura 11), e massa de ovos, 15,05% (figura 12).

Isso pode ser explicado pela correlação negativa entre peso do ovo e número de ovos. O aumento do grau de endogamia diminuiu o valor genético para peso dos animais e peso do ovo. Houve então um efeito indireto da endogamia sobre o número de ovos, por ter efeito correlacionado com o número de ovos, aumentando o número de ovos em níveis mais elevados de endogamia. A massa de ovos acompanhou a tendência do número de ovos.

Queirozetal. (2000), que concluíram que o efeito de F sobre os pesos de bovinos da raça Gir foi quadrático, com ponto de mínimo para $F=20,82\%$ e $F=19,45\%$, respectivamente, para peso a desmama e peso ao um ano.

Também foram encontrados resultados positivos da endogamia e para tamanho de leitegada por Bereskinetal. (1968), ao avaliarem uma população de suínos Landrace. Esse efeito positivo foi atribuído ao possível valor genético muito elevado dos reprodutores endogâmicos. Geralmente efeitos positivos no desempenho e fertilidade são raros. Shields (1982) chamou esse fenômeno de “aprimoramento endogâmico”. Ballou (1997) observou um efeito positivo da endogamia materna na sobrevivência dos neonatais em bisões europeus. O aumento em performance é provavelmente alcançado através da fixação de complexos de alelos favoráveis ou efeito epistático dos genes (Tempelton, 1979).

Alguns autores encontraram redução linear das produções de leite por acréscimo unitário do coeficiente de endogamia, em raças Holandesas, Jersey e a Pardo – Suíça. (Thompson et al., 2000; Biffani et al., 2002; Paiva, 2006).

Falcão et al.(2001) observaram aumentos nos níveis de F, acompanhados de redução no mérito genético individual para o peso ao nascimento e intervalo entre partos, sendo este último estimado acréscimo de 1,4 dias para cada 1% de aumento na endogamia.

Miglioretal. (2002), não encontraram valores significativos da endogamia sobre produção de leite e porcentagem de gordura no leite em bovinos da raça Jersey com endogamia igual a média da população (1,2%). A partir de 12,5% de endogamia, houve efeito da depressão endogamia sobre essas características.

5.2. GRUPO GENÉTICO UFV2

Nota-se que na primeira geração não há animais endogâmicos. Como endogamia é a proporção de genes em comum por ascendência, e os animais fundadores são compostos por animais de genealogia desconhecida, tem-se $F= 0$. Ao longo das gerações, o conhecimento e controle da genealogia permitiram o cálculo da endogamia para cada indivíduo de forma mais acurada. A partir da segunda geração já se pode observar indivíduos endogâmicos, com taxa de endogamia de 25%, que corresponde a um acasalamento entre irmãos,

o que, de fato, pode ocorrer, visto que a escolha dos reprodutores é feita sem restrição de parentesco.

Segundo Breda et al.(2004), como consequências de taxas elevadas de endogamia, tem-se perda parcial do ganho genético obtido por seleção e redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pelos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, fenômeno conhecido por depressão endogâmica.

Embora todos os indivíduos tenham apresentado algum grau de endogamia a partir da sétima geração, o coeficiente médio de endogamia da linhagem UFV2 é considerado baixo (1,82%), bem como a taxa de endogamia entre os indivíduos endogâmicos (2,96%). Semelhantemente à linhagem UFV1, o grau de endogamia aumentou ao longo das gerações, uma vez que não há inclusão de reprodutores provenientes de outra população.

O acasalamento entre irmãos completos e entre meio irmãos ocorreu em baixas frequências (0,85% e 0,32%, respectivamente), e se deve ao fato dos reprodutores serem escolhidos para acasalar aleatoriamente, sem restrição de parentesco.

Yerturket al.(2008) avaliaram, em uma população fechada e outra com cruzamentos, os efeitos da endogamia em características reprodutivas e de performance em uma pequena população de codornas. Os autores concluíram que populações fechadas e pequenas tiveram aumento na endogamia ao longo dos dez anos avaliados, e como consequência foi observado decréscimo na porcentagem de ovos férteis, na taxa de sobrevivência das aves e na taxa de postura. Além disso, aumento de filhos fracos e da taxa de albinos nascidos.

O incremento de endogamia por geração na linhagem UFV2 foi baixo (+0,26%) e pode ser explicado pelo elevado tamanho efetivo da população. A proporção de machos e fêmeas é a mesma utilizada na linhagem UFV1 (um macho para duas fêmeas). O tamanho efetivo da linhagem UFV2 foi menor em relação à linhagem UFV1, e isto pode ser atribuído ao tamanho efetivo da população fundadora, que na linhagem UFV1 foi 172 e UFV2 foi de 99,4. Sendo assim, uma maior quantidade de animais da linhagem UFV1 contribuiu geneticamente com a variabilidade da população.

A partir da figura 12 é possível observar que houve tendência de aumento do valor genético dos animais para peso aos 28 dias ao longo das gerações.

Pode-se atribuir esta tendência ao ganho genético obtido através da seleção dos animais, que é feita aos 28 dias por maior peso corporal.

Foi observado efeito linear dos valores genéticos médios de P1 e P28 em função das gerações, o que pode ser observado através das figuras 15 e 16, respectivamente. Este resultado mostra a efetividade da seleção realizada para peso corporal no programa de melhoramento. Efetuando-se duas gerações de seleção para maior peso corporal por ano, o ganho genético anual para peso ao nascimento é 0,08g e para peso aos 28 dias é de 5g. O valor genético para peso médio do ovo (figura 17) e número de ovos até 112 dias (figura 18) também foram explicados por equações lineares, seguindo a mesma explicação feita para linhagem UFV1. Houve acréscimo de 0,08g por ano para peso médio do ovo, e decréscimo de 0,12 ovos até os 112 dias de produção, ao considerar duas gerações de seleção por ano.

Foram encontrados efeitos lineares da geração sobre os valores genéticos para massa de ovos (figura 19) para a linhagem UFV2. O valor genético aumentou em 0,240g a cada geração, ao passo que para a linhagem UFV1 os valores genéticos para esta característica decresceram até a quinta geração.

É importante ressaltar que embora seja esperado que a endogamia aumente ao longo das gerações, visto que a população estudada é fechada, também se espera que o valor genético aumente, pois um programa de melhoramento genético tem como objetivo a seleção dos melhores indivíduos para formação das gerações seguintes.

Em relação ao efeito da endogamia sobre as características de crescimento, foi observado efeito significativo e quadrático. Taxas de endogamia maiores que 15,8% afetaram negativamente o valor genético para peso ao nascimento (figura 20). Para peso aos 28 dias, a depressão endogâmica afetou o valor genético em animais com níveis maiores que 13,4% de F (figura 21).

Em relação ao efeito da endogamia sobre as características de produção, POM112, NO112 e MO112, houve efeito quadrático significativo. Para peso médio do ovo até 112 dias, houve efeito da depressão endogamia em níveis acima de 10,33 de F (figura 22). Para número de ovos até 112 dias, o efeito foi diferente, pois o valor genético foi superior em níveis acima de 9,09% de

endogamia (figura 23). Para massa de ovos, houve efeito da depressão endogâmica em valores de F maiores que 13,2% (figura 24).

O valor genético para número de ovos foi crescente com o aumento da endogamia porque esta característica possui correlação negativa com o peso do ovo. Como o valor genético para crescimento e peso do ovo diminuiu com o aumento da endogamia, indiretamente o número de ovos aumentou. A massa de ovos seguiu a tendência do peso do ovo.

Efeitos não lineares da endogamia em características produtivas foram encontrados por Berskinet al. (1968), no tamanho de leitegada, Szwaczkowski et al. (2004), com galinhas de postura e Issa&Seeland (2001), com ratos. Segundo Kocket al. (2009), diferenças entre efeitos lineares e curvilíneos da regressão são muito pequenos em uma taxa de endogamia variando de 0 a 10%.

Freitas (2009) avaliou a mesma população de codornas do presente estudo, e não foram encontrados valores significativos da endogamia em peso aos 28 dias, peso aos 42 dias e produção de ovos. Fato este atribuído pelo autor ao baixo valor de endogamia médio da população, igual a 1,27%. As gerações avaliadas por Freitas (2009) foram somente cinco, resultando em taxa de endogamia média inferior em relação à população atual, que conta com dezessete gerações sob acasalamento ao acaso, em uma população fechada.

Thompson et al. (2000) verificaram que níveis superiores a 10% de endogamia influenciaram significativamente a duração da lactação, reduzindo-a em até oito dias.

Miglioretal. (1992) investigaram a ocorrência de endogamia em gado Jersey nascidos depois de 1955 e encontraram valores de coeficientes de regressão para leite, gordura e porcentagem de gordura iguais a 9,84kg, -0,55kg, e -0,0011% por 1% de aumento de endogamia. No entanto, a depressão endogâmica não foi suficiente para causar grandes reduções no leite e gordura em animais com a taxa de endogamia igual à média da população. Os autores verificaram efeitos relevantes da depressão endogâmica em níveis superiores a 12,5%.

O efeito da endogamia sobre características de importância econômica em gado de corte foi extensivamente revisado por Burrow (1993), mostrando que a endogamia do indivíduo tem efeito adverso consistente sobre as características de crescimento do nascimento até a maturidade. Em

geral, aumento de 1% em endogamia resultou em decréscimo de 0,06; 0,44; 0,69; e 1,30 kg nos pesos ao nascer, à desmama, pós-desmama (12 e 18 meses de idade) e à maturidade, respectivamente. Isto representaria, supondo animais 50% endogâmicos, redução de 3; 22; 34,5 e 65 kg nos pesos ao nascer, à desmama, pós-desmama e à maturidade, respectivamente.

5. CONCLUSÕES

O valor de endogamia médio é considerado baixo e o tamanho efetivo adequado para ambas as linhagens avaliadas.

O efeito da endogamia em função das gerações é quadrático para todas as características avaliadas.

O efeito dos ganhos genéticos médios das características em função das gerações e do valor genético em função de F é quadrático.

Para a linhagem UFV1, há efeito da depressão endogâmica em características de crescimento e peso médio do ovo em níveis acima de aproximadamente 13,9% de endogamia.

Para a linhagem UFV2, há efeito da depressão endogâmica em características de crescimento, peso médio do ovo e massa de ovos em níveis acima de aproximadamente 12,3% de endogamia.

.A seleção para peso corporal é eficaz para aumentar o ganho genético ao longo das gerações, ganho este que se sobrepôs a perda por depressão endogâmica.

Os níveis de endogamia encontrados neste estudo não são altos, mas mostra tendência de aumento ao longo das gerações, razão pela qual se recomenda monitoramento dos níveis de endogamia nas linhagens avaliadas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ARKUSH, K.D.; GIESE, A.R.; MENDONCA, H.L., et al. Resistance to three pathogens in the endangered winter-run Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*): effects of inbreeding and major histocompatibility complex genotypes. **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v. 59, p. 966– 975, 2002.
- BALLOU J.D. Ancestral inbreeding only minimally affects inbreeding depression in mammalian populations. **Journal of Heredity**, v.88, p.169-78, 1997.
- BELONSKY, G.M.; KENNEDY, B.W. Selection on individual phenotype and Best-Linear Unbiased Predictor of breeding value in a closed swine herd. **Journal of Animal Science**, v.66, p.1124-1131, 1988.
- BERESKIN, B.; SHELBY, C.E.; ROWE, K.E. et al. Inbreeding and swine productivity traits. **Journal of Animal Science**, v.27, p.339-50, 1968.
- BIFFANI, S.; SAMORÉ, A.B.; CANAVESI, F. Inbreeding depression for production, reproduction and functional traits in Italian Holstein cattle. In: World Congress Applied to Livestock Production, 7, 2002, Montpellier. **Anais...** Montpellier, França: WCGALP, 2002.
- BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetic Selection Evolution**. v. 29, p.5–23, 1997.
- BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.2017-2025, 2004.
- CAETANO, G.C.; CRISPIM, A.C.; TORRES, R.A. Genetic evaluation for egg mass in partial periods and complete period in meat quails. **Brazilian Journal of Animal Science**, v.41, n.5, p. 1158-1162, 2012.
- CUNHA, E. E.; GUEDES, D. G. P.; MELO, T. P. et al. Influência de acasalamentos dirigidos sobre a endogamia média e o ganho genético em gerações discretas de seleção fenotípica. **Anais...** Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 48, 2011. Belém – PA.
- DAVENPORT, C.B. Degenetaion, albinism and inbreeding. **Science**, v. 28, p. 454-455, 1908.
- EAST, E. M. **Inbreeding in corn**. Reports of the connecticut experiment station for years 1907-1908, 419-428, 1908.
- EUCLIDES FILHO, K.; SILVA, L. O. C.; ALVES, R. G. O. et al. Tendência genética na raça Gir. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.35, n.4, p.787-791, 2000.

- FALCÃO, A. J. S.; MARTINS FILHO, R.; MAGNABOSCO, C. U. et al. Efeitos da endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de bovinos da raça Pardo-suíça. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n.1, p.83-92, 2001.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Addison Wesley Longman, 1996. 480p.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**, Trad. SILVA, M.A. & SILVA, J.C. Viçosa, UFV. ImprensaUniversitária, 1987. 279p.
- FARIA, F.J.C.; VERCESI FILHO, A.E.; MADALENA, F.E. et al. Endogamia na raça nelore. **Anais...Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, 38, 2001. Piracicaba – SP, 2001.
- FILHO, A.E.V.; FARIA, F.J.C.; MADANELA, F.E. et al. Endogamia e tamanho efetivo populacional na raça tabapuã. **Anais...Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal**, 4, 2002.
- GALEUCHET D.J.; PERRET C.; FISCHER, M. Microsatellite variation and structure of 28 populations of the common wetland plant *Lychnis Flos-cuculi* L., in a fragmented landscape. **Molecular Ecology**, v. 14, n.4, p. 991-1000, 2005.
- GALLARDO. J.A.; LHORENTE, J.P.; GARCÍA, X. et al. Effects of nonrandom mating schemes to delay the inbreeding accumulation in cultured populations of Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) **Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences**, v.61, n.4, p. 547-553, 2004.
- GARNERO, A. DEL V.; BERRUTI, A.; MARCONDES, C.R. et al. Inbreeding in nucleus herds of Nelore cattle in Brazil. **Livestock Research for Rural Development**, v. 20, p. 159, 2008.
- GODDARD, M.G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal Dairy Science**, v.73, p.1113-1122, 1990.
- GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; FERNÁNDEZ, I. et al. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p. 95-103, 2003.
- GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 122, p. 172- 176, 2005.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. **Principles of Population Genetics**. 4 th ed. Sinauer Associates, Incorporated, 1997, 545p.
- HENDERSON C.R. A simple way for calculating the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, v. 32, p. 69-83, 1976.

- HENDERSON, C. R.; QUAAS, R. L. Multiple trait evaluation using relatives records. **Journal of Animal Science**, v. 43, n. 6, p. 1188-1197, 1976.
- KELLER, L.E.; WALLER, D. M. Inbreeding effects in wild populations. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 17, n.5, p. 230-241, 2002.
- KIM, S.H.; CHENG, K.M.T; RITLAND, K. Inbreeding in Japanese Quail estimated by pedigree and microsatellite analyses. **Journal of Heredity**, v.98, n.4, p.378-381, 2007.
- KÖCK, A.; FÜRST-WALTL, B.; BAUMUNG, R. Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in Austrian Large White and Landrace pigs. **ArchivTierzucht**, v.52, n.1, p.51-64, 2009.
- LACY, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v.8, p.111-123, 1989.
- LUSH, J.L. **Animal breeding plans**.3.ed. Ames: State College Press, 1945. 443p.
- MACKAY T.F. Quantitative trait loci in *Drosophila*. **Nature Reviews Genetics**. v. 1, p. 11–20, 2001.
- MALHADO, C.H.M.; RAMOS, A. de A.; CARNEIRO, P.L.S.et al. Melhoramento e estrutura populacional de bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **PesquisaAgropecuáriaBrasileira**, v.43, p.215-220, 2008.
- MARTINS, E.N. **Uso de modelos mistos na avaliação genética animal**. Viçosa: UFV, 1997. 121p.
- MEUWISSEN, T. H. E.; WOOLIAMs, I.A.Effective population sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.
- MEYER, K. “WOMBAT” – Digging deep for quantitative genetic analyses by restricted maximum likelihood. In: World Congress on genetic applied to Livestock Production, 8, 2006, Belo Horizonte. **Proceedings...** Belo Horizonte, 2006, CD-ROM.
- MIGLIOR, F.; SZKOTNICK1, B.; BURNSIDE, E.B. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. **JournalDairy Science**, v.75, p.1112-1118, 1992.
- OLIVEIRA P. S. **Estrutura populacional e tendência genética de características de crescimento e adaptação de bovinos da raça Nelore, linhagem Lemgruber**. 1999. 95f. Dissertação de Mestrado - Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos/USP, Pirassununga.
- PAIVA, A. L. C. **Endogamia na raça Holandesa no Brasil**. 2006. 49f. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Viçosa. Centro de Ciências Agrárias / UFV, Viçosa.

- 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.
- RIBEIRO, J.C.; SILVA, L.P.; PACHECO, R.O. et al. Estimativas de herdabilidade e correlação genética para produção de ovos em codornas de corte. **Anais...Encontro Mineiro de Estatística. MGEST. 6.** Revista da Estatística UFOP, Vol II, ISSN 2237-8111, 2012.
- RIBEIRO, J.C.; SILVA, L.P.; SOUSA, M.F. et al. Geneticevaluation for eggmass in partialperiodsand complete period in meat quails,**Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 41, n. 5, p. 1158-1162, 2012.
- Sas Institute. *SAS/STAT 9.3 user's guide*.SAS Institute, 2011.
- SCHENKEL, F. S.;LaGIOIA, D.R.; RIBOLDI, J. Níveis de endogamia e depressão endogâmica no ganho de peso de raças zebuínas no Brasil. In: 4ª REUNIÃO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 4.,2002. Campo Grande. **Anais...** Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal. Campo Grande – MS.
- SHIELDS W.M. **Philopatry inbreeding and the evolution of sex**. State University of New York Press, Albany, New York, USA, 1982, 245p.
- SILVA, M.V.G.; FERREIRA, W.J.; COBUCI, J.A. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas e reprodutivas de bovinos do ecótipo Mantiqueira,**Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 30, n.4, p. 1236-1242, 2001.
- TEMPLETON, A.R. The unit of selection in *Drosophila Mercatorum*. II. Genetic revolution and the origin of coadapted genomes in parthenogenetic strains. **Genetics**, v.92, p.1265-82, 1979.
- THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins, **Journal Dairy Science**, v.83, n.8, p.1856-1864, 2000.
- YERTURK, M.; AVCI, M.; BOZKAYA, F.Effects of closed breeding on some reproductive performance of a small japanese quail flock in Sanliurfa, **Journal of Animal andVeterinaryAdvances**,v. 7, n.8, p. 963-967, 2008.