

ANDRÉ LUIS DA COSTA PAIVA

**AVALIAÇÃO DE MÉTODOS DE CONTROLE DE ENDOGAMIA
UTILIZANDO DADOS SIMULADOS**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2010

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

T

P149a
2010

Paiva, André Luis da Costa, 1979-

Avaliação de métodos de controle de endogamia utilizando
dados simulados / André Luis da Costa Paiva. – Viçosa, MG,
2010.

xiii, 128 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Animais – Melhoramento genético – Simulação por
computador. 2. Endogamia. 3. Animais – Melhoramento
genético – Avaliação. I. Universidade Federal de Viçosa. II.
Título.

CDD 22. ed. 636.0821

ANDRÉ LUIS DA COSTA PAIVA

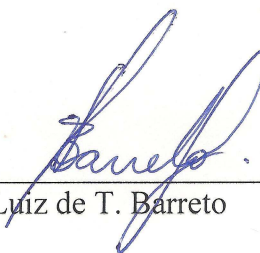
AVALIAÇÃO DE MÉTODOS DE CONTROLE DE ENDOGRAMIA UTILIZANDO DADOS SIMULADOS

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

APROVADA: 27 de maio de 2010



Gustavo Henrique de Souza



Sérgio Luiz de T. Barreto



Ricardo Frederico Euclides
(Coorientador)



Antônio Policarpo Souza Carneiro
(Coorientador)



Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

Aos meus pais José Paiva e Maria Aparecida, com amor e carinho, mentores da minha formação humana. À minha filha Letícia, fonte de estímulo para o meu crescimento.

AGRADECIMENTOS

A Deus pela força nos momentos difíceis da caminhada.

A Universidade Federal de Viçosa pelo acolhimento e pela disposição das ferramentas que me fizeram crescer como estudante.

Aos Professores e funcionários do Departamento de Zootecnia que contribuíram para a realização deste trabalho.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudo.

Ao Instituto Federal Minas Gerais pelo ambiente de trabalho que permitiu conciliar o trabalho de professor e os compromissos de doutorando.

Ao Prof. Robledo de Almeida Torres por sua orientação, ensino, apoio, estímulo e paciência desde meu primeiro ano de universidade.

Ao Prof. Ricardo Frederico Euclydes pelos momentos de trabalho em cima do Genesys, essenciais para realização deste trabalho, e pela parceria musical.

Aos Professores Paulo Sávio Lopes, Simone Eliza Facioni Guimarães pelas contribuições, exemplos e dedicação ao ensino do Melhoramento Animal.

Aos Professores Antonio Policarpo Souza Carneiro, Sérgio Luiz de Toledo Barreto, Eliana Gasparino e Gustavo Henrique de Souza por enriquecer o trabalho participando das bancas de qualificação e defesa de tese.

Aos amigos Rafael Bastos, Rodrigo “Galego”, Marcos Yamaki, Carla e Mariele pelas horas agradáveis que sempre desfrutamos, desde a época de graduação.

Aos amigos da salinha 214 Luciano, Renata, Abreu, Felipe, Rodrigo, ...

Aos funcionários da Granja de Melhoramento Genético de Aves pela ajuda durante a iniciação científica, pela amizade e pelo acolhimento que nunca faltou, principalmente nos famosos e inesquecíveis “churrascos da granja”.

Aos meus pais pelo suporte durante os anos.

A minha filha Letícia por me dar força para caminhar em frente.

E aos amigos e colaboradores que por um lapso de memória eu tenha esquecido de acrescentar.

BIOGRAFIA

André Luis da Costa Paiva, filho de José de Oliveira Paiva e Maria Aparecida da Costa Paiva, nasceu em 08 de outubro de 1979 em Viçosa, MG.

Ingressou na Universidade Federal de Viçosa no primeiro semestre de 2000 iniciando o Curso de Zootecnia. Em julho de 2001 iniciou os trabalhos como bolsista de iniciação científica na área de Melhoramento Animal, tendo como orientador o Professor Robledo de Almeida Torres.

Em julho de 2004, obteve o título de Zootecnista pela Universidade Federal de Viçosa, e em Agosto deste mesmo ano, ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia da UFV, como mestrando, obtendo o título de mestre em outubro de 2006.

Em 2006 ingressou no Programa de Pós Graduação em Zootecnia da UFV, como doutorando, submetendo-se a defesa de tese em Maio de 2010.

Em 2009 passou a fazer parte do quadro de professores do Instituto Federal Minas Gerais – Campus Bambuí, MG.

ÍNDICE

Resumo	x
Abstract	xii
Introdução Geral	1
1 - Revisão de Literatura.....	1
1.1 Endogamia	1
1.2 Depressão Endogamica	6
1.3 Tamanho Efetivo de População.....	9
1.4 Efeitos Genéticos da Consangüinidade	10
1. 5 Procedimentos de Controle da Endogamia	13
1.5.1 Utilização de estimativas de herdabilidades viesadas	14
1.5.2 Aumento do número de pais selecionados	15
1.5.3 Acasalamentos não aleatórios entre os pais selecionados - acasalamentos de mínima coancestralidade e acasalamentos compensatórios	17
1.5.4 Combinação de métodos de seleção e estratégias de acasalamentos...	23
2 – Referências Bibliográficas.....	29
Capítulo 1	34
Acasalamentos compensatórios em populações simuladas	34
1 - Introdução	35
2 - Metodologia	38
2.1 Simulações dos dados	38
2.2 Simulação do genoma.....	38
2.3 Simulações das populações	39
2.4 Populações submetidas à seleção	40
2.5 Métodos de Acasalamentos	40
2.6 Parâmetros avaliados.....	42

3 - Resultados e Discussão	44
4 - Conclusão	51
5 - Referências Bibliográficas	52
Capítulo 2	54
Aumento no número de machos selecionados como ferramenta de controle de endogamia.....	54
1 - Introdução	55
2 - Metodologia	57
2.1 Simulações dos dados	57
2.2 Simulação do genoma.....	57
2.3 Simulações das populações	58
2.4 Populações submetidas à seleção	59
2.5 Métodos de Acasalamentos	60
2.6 Parâmetros avaliados.....	61
3 - Resultados e Discussão	63
3.1 Valor Fenotípico	63
3.2 Porcentagem de animais endogâmicos.....	67
3.3 Endogamia Média e Máxima	70
3.4 Limites de seleção.....	75
3.5 Perdas por fixação de alelos desfavoráveis.....	78
4 - Conclusão	82
5 - Referências Bibliográficas	83
Capítulo 3	85
Controle de endogamia em populações com diferentes intensidades de seleção de fêmeas.....	85
1 - Introdução	86
2 - Metodologia	88
2.1 Simulações dos dados	88
2.2 Simulação do genoma.....	88

2.3 Simulação das populações.....	89
2.4 Populações submetidas à seleção	90
2.5 Seleção em fêmeas.....	90
2.6 Métodos de Acasalamentos	90
2.7 Parâmetros avaliados.....	92
3 - Resultados e Discussão	94
3.1 Valor Fenotípico	94
3.2 Porcentagem de animais endogamicos.....	96
3.3 Endogamia Média e Máxima	98
3.4 Limites de seleção.....	103
4 - Conclusão	106
5 - Referências Bibliográficas	107
Capítulo 4	108
Controle de endogamia em populações sob seleção baseada no BLUP considerando um valor de herdabilidade maior.....	108
1 - Introdução	109
2 - Metodologia	111
2.1 Simulações dos dados	111
2.2 Simulação do genoma.....	111
2.3 Simulação das populações.....	112
2.4 Populações submetidas à seleção	113
2.5 Herdabilidade aumentada	113
2.6 Métodos de Acasalamentos	113
2.7 Parâmetros avaliados.....	114
3 - Resultados e Discussão	116
3.1 Endogamia Média e Máxima	116
3.2 Porcentagem de animais endogâmicos.....	118
3.3 Porcentagem de alelos desfavoráveis fixados.....	120

3.4 Limites de seleção.....	121
3.5 Valor Fenotípico	122
4 – Conclusão.....	125
5 – Referências Bibliográficas.....	126
Conclusões Gerais	128

RESUMO

PAIVA, André Luis da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2010. **Avaliação de métodos de controle de Endogamia utilizando dados simulados.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Coorientadores: Antonio Policarpo Souza Carneiro e Ricardo Frederico Euclides.

A endogamia ou consangüinidade é um sistema de acasalamento que consiste na união de indivíduos com certo grau de parentesco. Diferentes métodos têm sido propostos para reduzir a taxa de endogamia de modo que, o ganho genético não seja prejudicado. Para testar o uso de acasalamentos compensatórios em populações simuladas, aumento no número de machos selecionados como ferramenta de controle de endogamia, controle de endogamia em populações com diferentes intensidades de seleção de fêmeas, controle de endogamia em populações sob seleção baseada no BLUP considerando um valor de herdabilidade maior, foram simulados dados utilizando o sistema computacional GENESYS 2010, uma versão atualizada (EUCLYDES, 1996). Foi simulado um genoma de 958 centimorgans de comprimento, considerando uma característica cuja expressão era determinada por 200 locos com dois alelos por loco distribuídos em 40 cromossomos. Foi estudado apenas uma característica quantitativa (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3 kg e desvio-padrão fenotípico de 0,3 kg e com herdabilidade (h^2) igual a 0,30. Para estudo do controle de endogamia em populações sob seleção baseada no BLUP considerando um valor de herdabilidade maior, foi simulado um genoma com valor de herdabilidade maior que o “real”. Foi simulada uma população-base constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). A partir da população base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 20 machos e 200 fêmeas, produzindo 8 descendentes por acasalamento, gerando 1.600 indivíduos. Depois de formada a população inicial, teve início à formação das populações de seleção. A seleção foi conduzida por

50 gerações, sendo que o processo de simulação por geração foi repetido 20 vezes, a fim de reduzir os efeitos de flutuação genética (CARNEIRO, 2002). A cada geração eram selecionados 20 machos e 200 fêmeas, e do acasalamento entre estes, eram gerados 8 filhos por acasalamento. No intuito de estudar o efeito do uso de acasalamentos não aleatórios em população sob seleção baseada no BLUP, foram simuladas populações com as seguintes formas de acasalamento: Acasalamento ao acaso (aaa), acasalamento com exclusão de irmãos completos (IC) e meio-irmãos (MI), acasalamento de melhores com melhores, acasalamento de melhores com piores (acasalamento compensatório). Os tipos de acasalamento foram comparados por meio da avaliação dos seguintes parâmetros, no decorrer das gerações: valor fenotípico médio, endogamia média, endogamia máxima, perdas por fixação de alelos desfavoráveis, fixação de alelos favoráveis e limite da seleção. Em populações selecionadas utilizando BLUP, o acasalamento compensatório mostrou ser uma ferramenta eficaz no controle de endogamia a longo prazo. O aumento no número de machos em acasalamentos aleatórios, acasalamento entre melhores reprodutores, método que exclui acasalamento entre MI e IC e acasalamento compensatório proporcionou aumento a longo prazo nos valores fenotípicos em consequência da redução na endogamia, nos limites de seleção e na porcentagem de alelos desfavoráveis fixados. O fato de praticar ou não seleção em fêmeas utilizando os valores genéticos preditos pelo BLUP não muda a necessidade de se controlar os incrementos de endogamia. Populações fechadas que não utilizam selecionar fêmeas também perdem variabilidade genética. A utilização de herdabilidades maiores que o valor verdadeiro foi um procedimento eficaz na redução dos incrementos de endogamia, na redução da fixação de alelos desfavoráveis e na redução da perda dos limites de seleção. Consequentemente, este procedimento também gerou maiores valores de fenotípicos.

ABSTRACT

PAIVA, André Luis da Costa, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2010. **Evaluation of methods for controlling Inbreeding using simulated data.** Advisor: Robledo de Almeida Torres. Co-Advisors: Antonio Policarpo Souza Carneiro and Ricardo Frederico Euclides.

Inbreeding or consanguinity is a mating pattern that consists in bonding individuals with a certain level of relatedness. Different methods have been proposed to reduce the inbreeding rate in such a way that genetic gain is not affected. Data simulated through an up-to-date of the GENESYS 2010 program (EUCLYDES, 1996) were used in order to test the use of compensatory mating in simulated populations, the increase of the number of males selected as a tool for controlling inbreeding, controlling inbreeding in populations with different selection intensities for females, controlling inbreeding in populations selected based on the best linear unbiased prediction (BLUP) considering a higher heritability value. It was simulated a genome of 958 centimorgans in length, considering a trait whose expression was determined by 200 loci with two alleles per locus distributed across 40 chromosomes. Only one quantitative trait (slaughter weight) was evaluated with an initial mean phenotypic value of 2.3kg (5.07lb), standard deviation of 0.3kg (0.66lb) and heritability (h^2) of 0.30. In order to evaluate the controlling of inbreeding in populations selected based on the best linear unbiased prediction (BLUP) considering a higher heritability value, it was simulated a genome with a heritability value higher than the “real” one. One base population of 1,000 individuals (500 males and 500 females) was simulated. From the base population, 20 males and 200 females were randomly selected and mated to produce 8 descendants per mating, producing 1,600 individuals. From the base population, the initial population was obtained, which generated the populations under selection. The selection was conducted over 50 generations, where the simulation process for each generation was repeated 20 times in order to minimize the effects of genetic drift

(CARNEIRO, 2002). 20 males and 200 females were selected for each generation, and from the mating among them, 8 offspring were generated per mating. With the purpose to evaluate the effect of non-random mating in a population selected based on the best linear unbiased prediction (BLUP), populations with the following mating patterns were selected: Random mating (RM), exclusion of matings between full-sibs (FS) and half-sibs (HS), best to best mating and best to worst mating (compensatory mating). The mating patterns were compared by evaluating the following parameters across the generations: mean phenotypic value, average inbreeding, maximum inbreeding, losses due to fixation of unfavorable alleles, fixation of favorable alleles and selection limit. In populations selected through the best linear unbiased prediction (BLUP), the compensatory mating showed to be an effective tool for controlling inbreeding in the long run. The increase of the number of males in random matings, mating between the best breeders, which excludes the mating between HS and FS, and compensatory mating produced an increase of the phenotypic values in the long run due to the reduction of inbreeding, the selection limits and the rate of fixation of unfavorable alleles. Whether or not the females are selected considering the values found by BLUP does not change the need to control the inbreeding increments. Closed populations that do not select females also lose genetic diversity. The use of heritability higher than the real value was an effective method to reduce both the inbreeding increments, the fixation of unfavorable alleles and the loss of the selection limits. As a result of that, this method also produced higher phenotypic values.

Introdução Geral

A endogamia ou consangüinidade é um sistema de acasalamento que consiste na união de indivíduos com certo grau de parentesco. O termo endogamia é usado tanto para animais como vegetais, embora a consangüinidade seja de uso mais consagrado, quanto aos primeiros.

A consangüinidade é um conceito restrito a uma população ou a um grupo de animais: a criação de gado Holandês puro de origem, por exemplo, pode ser considerada, como uma forma de consangüinidade em relação a todo grupo de raças leiteiras, uma vez que simplesmente pelo fato dos animais pertencerem à mesma raça implica em semelhança genética de alguma forma, embora o sistema de acasalamento em uso na raça Holandesa, como um todo, não é necessariamente consangüíneo. Indivíduo consangüíneo é aquele resultante de pais que são parentes. O fato dos pais de um indivíduo serem geneticamente semelhantes aumenta a probabilidade de que ele receba de seus pais genes idênticos, que representam cópias de um mesmo gene presente em um ancestral comum. O resultado dessa maior semelhança genética entre os pais é o aumento da homozigose, em grau superior ao obtido quando os pais do indivíduo não são parentes.

A medida do aumento da homozigose é dada pelo coeficiente de endogamia (F), que indica a percentagem provável de genes em homozigose do indivíduo endogâmico em relação ao não-endogâmico da mesma população e diminuição da variação dos genes transmitidos pelos reprodutores, ocasionando produção de indivíduos mais uniformes. O coeficiente de endogamia somente se tornará expressivo se houver especificação de algum ponto no passado, além do qual os ancestrais não são mais procurados e no qual todos os genes presentes na população passarem a serem independentes, isto é, não idênticos por ascendência. Esse ponto representa a população base e por definição tem coeficiente de endogamia igual a zero (FALCONER, 1987).

Para qualquer indivíduo ser considerado endogâmico, o mesmo deve ter pais aparentados, aumentando assim a probabilidade de ter segmentos de DNA idênticos por descendência. Tendo ambos os alelos idênticos, o indivíduo é homozigoto para tal loco. Dessa forma, a endogamia aumenta a probabilidade de homozigose.

Na primeira metade deste século, a endogamia foi utilizada, juntamente com a seleção, visando aumentar a uniformidade em algumas raças bovinas. Segundo Pirchner (1985), os criadores reconheceram tanto os perigos da endogamia na saúde e no desempenho da progênie, como também suas vantagens na consolidação de certas características, e ainda a imprevisibilidade, que parece ser inerente ao processo da endogamia. Apesar de seus riscos, a endogamia tem sido bastante usada por criadores de animais, principalmente, entre criadores de elite, com o objetivo de assegurar uniformidade racial e fixação de certas características em linhagens cujos produtos têm maior aceitação comercial.

Em relação à endogamia, a preocupação com o aumento nos níveis de consangüinidade tem se tornado o motivo principal da realização de inúmeros trabalhos, que abordam a escolha de estratégias de seleção mais apropriadas, considerando também seus aspectos negativos.

A intensificação do uso de métodos de avaliação genética que permitem identificar animais geneticamente superiores de forma mais precisa, e de técnicas reprodutivas que permitem difundir o material genético superior mais rapidamente, contribuíram para que os programas de melhoramento não apenas acelerassem o progresso genético, mas também se tornassem mais propensos ao aumento da endogamia. O relato de Weigel (2001), para as principais raças de bovinos de leite dos Estados Unidos, a média de crescimento da taxa de endogamia de 0,05% ao ano no período de 1960 a 1980, passou para aproximadamente 0,2%

ao ano de 1980 a 2000, resultando em uma taxa média de endogamia passasse de 1% em 1980 para 5% em 2000.

A seleção feita com base em critérios mais precisos pode levar a uma maior endogamia. Os procedimentos atuais de avaliação, que geram as DEPs (diferenças esperadas na progênie) a partir do uso de modelo animal e BLUP, usam a informação de parentes, o que implica que membros da mesma família têm mais chance de serem selecionados. Além disso, animais de diferentes rebanhos são comparados e touros com desempenho destacado podem ser utilizados por diferentes criadores, aumentando a chance dos animais das gerações futuras descenderem de um grupo relativamente pequeno de touros altamente selecionados e apresentarem maior parentesco entre si.

O uso de biotécnicas reprodutivas, como a inseminação artificial (IA) e a múltipla ovulação e transferência de embriões (MOET), podem contribuir para aumento na endogamia por permitir um número muito maior de descendentes por animal. O uso de IA permite que a seleção de touros seja mais intensa sem que haja aumento no intervalo de gerações, pois a quantidade de animais necessários para repô-los é pequena. Da mesma forma, porém em menor intensidade, a transferência de embrião (TE) e a fertilização “in vitro” (FIV) atuam sobre as vacas. Se poucos animais forem selecionados como progenitores da próxima geração, haverá maior chance de acasalamentos entre parentes e o tamanho efetivo da população (N_e) será reduzido.

O conhecimento da taxa de endogamia ao longo das gerações associado a programas de melhoramento genético pode possibilitar uma melhor orientação de planos de acasalamentos na raça e em seus cruzamentos.

1 - Revisão de Literatura

1.1 Endogamia

O grau de endogamia, também conhecida como consangüinidade, de um indivíduo é descrito pelo coeficiente de endogamia (F) ou, formalmente, pela probabilidade de que dois alelos em um locus tomado ao acaso sejam idênticos por descendência. O F de um indivíduo pode ser calculado como a metade do coeficiente de parentesco entre seus pais. O parentesco, por sua vez, representa a porcentagem esperada de genes em comum entre indivíduos.

A endogamia ocorre quando os acasalamentos são efetuados entre parentes mais próximos do que seriam se os indivíduos tivessem sido escolhidos ao acaso de uma população. Os indivíduos aparentados têm um ou mais ancestrais em comum e, portanto, a extensão da endogamia está relacionada à quantidade de ancestrais que é compartilhada pelos pais dos indivíduos endogâmicos (Crow e Kimura 1970). Assim, dois indivíduos tendo um ancestral comum, podem transmitir réplicas de um dos genes presentes no ancestral comum para sua progênie (Falconer 1989).

Para quantificar a probabilidade de que dois alelos presentes no mesmo loco sejam idênticos por descendência, é usado o Coeficiente de Endogamia (F). Coeficiente de endogamia de um indivíduo é a metade do grau de parentesco entre seus pais, que é medido pelos ancestrais em comum que os mesmos possuem. Quanto mais e mais próximos forem os ancestrais em comum, maior o grau de parentesco e conseqüente maior endogamia no acasalamento, e isto se dá pelo fato de parentes possuírem um maior percentual de genes idênticos por descendência, que são cópias do mesmo gene presente no cromossomo do ancestral comum, ou seja, mesmo gene do cromossomo dos pais vão para os dos filhos.

Wright (1923) propôs que o coeficiente de endogamia fosse calculado pela seguinte fórmula:

$$F_X = \frac{1}{2} \sum (\frac{1}{2})^n (1 + F_A)$$

Em que:

F_X = Coeficiente de endogamia do indivíduo x;

n = Número de gerações intercaladas que ligam os dois pais ao ancestral comum;

F_A = Coeficiente de endogamia de cada ancestral comum.

O coeficiente de endogamia (F) do indivíduo quantifica a probabilidade de que dois alelos presentes no mesmo loco sejam idênticos por ascendência, em outras palavras; que estes sejam cópias herdadas do mesmo gene em alguma geração anterior. Portanto, indivíduos endogâmicos só podem resultar do acasalamento entre progenitores aparentados. A endogamia em populações de grande censo surge como consequência de acasalamentos deliberados entre animais aparentados, ao contrário do que ocorre em populações de censo reduzido, onde a mesma se dá em função do acaso.

As primeiras tentativas científicas de se medirem os graus de semelhança entre diferentes tipos de parentes foram feitas, no fim do século passado, por Sir Francis Galton e seus colaboradores. Na realidade, os coeficientes de correlação e muitos outros métodos estatísticos modernos, agora usados para outros fins, foram por eles criados para aquela finalidade. Com a redescoberta do mendelismo, o interesse pela hereditariedade passou dos métodos biométricos para os estudos da transmissão dos genes individuais e, por algum tempo. Supôs-

se que os dois pontos de vista eram antagônicos. Nos anos recentes, têm sido exploradas muitas consequências estatísticas da natureza mendeliana de herança e os dois campos do conhecimento se unificaram, completando-se mutuamente (LUSH,1964).

Zambianchi et. al. (2002) utilizando dados de produção de 1980 a 1999 da raça Holandesa no Brasil, observou um coeficiente de endogamia de 2%, levando em consideração apenas animais endogâmicos.

1.2 Depressão Endogâmica

Segundo Cavalheiro (2003), muitas vezes, este efeito da depressão endogâmica não é tão facilmente observado quanto a expressão de alelos recessivos indesejáveis em características de herança simples, pois ele está associado com a queda gradativa do desempenho de características poligênicas.

Estas perdas ocorridas pela conhecida depressão endogâmica, são mais pronunciadas em características de fertilidade e sobrevivência. No Brasil, Penna (1990) relatou em bovinos Tabapuã, efeito adverso da endogamia sobre características ponderais e reprodutivas.

A heterose trabalha opostamente à depressão endogâmica, atuando na melhora do desempenho em decorrência das combinações gênicas favoráveis, consequência do aumento de genes em heterozigose. Esse aumento em desempenho é transmitido somente parcialmente às futuras gerações, e é conseguido principalmente com um acasalamento bem sucedido. Por isso é importante que, além da utilização de programas computacionais de acasalamento dirigido, que o profissional atuante na área de cruzamentos ou acasalamentos conheça as melhores combinações gênicas entre raças ou entre linhagens para que se possam obter melhores desempenhos.

Porém, a endogamia também possui aspectos favoráveis que devem ser considerados. A endogamia pode ser utilizada para detecção de genes recessivos deletérios, inativos em indivíduos heterozigotos, se seguida de seleção descartando os indivíduos portadores;

Outra possibilidade de uso seria para aumento da prepotência, que é a capacidade de um indivíduo produzir filhos parecidos com ele próprio ou entre si. Os animais endogâmicos tendem a ser mais prepotentes por apresentarem um maior percentual de genes em homozigose, conseqüentemente produzem uma menor variação gênica em seus gametas (espermatozóides ou óvulos), quando comparados com animais com maior percentual de genes em heterozigose. Assim, a progênie tende a ser mais uniforme. Esse aumento na prepotência ocorre mais facilmente em características qualitativas, que geralmente são determinadas por poucos pares de genes, como a cor da pelagem, formato de orelha, cabeça, dentre outras, e mais dificilmente para características quantitativas ou produtivas que são determinadas por muitos pares de genes.

Lush (1964) cita que um animal pode ser prepotente tanto para características indesejáveis como para as desejáveis. Porém, nas discussões dos criadores, aparece com mais freqüência a prepotência para características desejáveis.

A intensificação do uso de métodos de avaliação genética, que permite identificar animais geneticamente superiores de forma mais precisa, e a adoção de biotécnicas reprodutivas, que permitem difundir o material genético superior mais rapidamente, têm contribuído para que os programas de melhoramento não apenas acelerem o progresso genético das populações sob seleção, mas também que as tornem mais propensas ao aumento da endogamia.

Essa propensão pode resultar em depressão causada pela endogamia na própria característica considerada na seleção e, ainda, nos componentes de adaptação, tendo um importante efeito sobre a resposta

à seleção, no médio e no longo prazo, principalmente considerando-se as reduções na probabilidade de fixar genes favoráveis.

Vários autores têm relatado, ainda, o fato, não menos importante, de que a seleção artificial, geralmente, resulta em maiores variações no tamanho das famílias selecionadas. Em decorrência disso, verifica-se redução nos tamanhos efetivos de população, o que pode ser importante em populações de pequenos núcleos submetidas a altas intensidades de seleção e nos casos de seleção baseada em valores genéticos obtidos por meio de índices e do BLUP, utilizando-se o modelo animal.

Shimbo et al. (2000) ressaltaram que os acasalamentos entre parentes podem acontecer por diversas razões, por exemplo, nos casos em que criadores pretendem que os animais escolhidos transmitam suas características raciais a seus descendentes de forma mais intensa (prepotência) ou, então, em populações pequenas, em que as opções de acasalamentos são reduzidas e não há como evitar que animais aparentados se acasalem.

Um dos entraves ao estudo dos sistemas de acasalamento é o fato de a maioria das fórmulas e equações sobre tamanho efetivo de população e endogamia considerar que os indivíduos são selecionados e acasalados ao acaso, em grandes populações. No entanto, a seleção artificial por meio de metodologias clássicas e modernas e os tipos de acasalamento não ao acaso vêm sendo, há tempos, praticados.

Nesse sentido, trabalhos têm sido feitos, associando métodos de seleção e tipos de acasalamento, a fim de otimizar os ganhos genéticos e, principalmente, tentar minimizar os efeitos da endogamia, ao longo das gerações. Ainda nesse contexto, Quinton e Smith (1995) ressaltaram que, em sua maioria, as comparações entre os diferentes métodos de seleção têm sido feitas com o mesmo número de pais selecionados, utilizando-se esquemas de acasalamentos que originem nível baixo e aceitável de consangüinidade. Esses autores sugeriram comparar métodos de seleção

no mesmo nível de consangüinidade, a fim de permitir uma seleção mais intensa (poucos machos selecionados), em métodos de menor acurácia.

A redução da consangüinidade apresenta como vantagens, um melhor uso da variabilidade genética disponível na população-base e uma diminuição na depressão causada pela própria consangüinidade, com relação à característica considerada na seleção. Além disso, pode haver diminuição na depressão para as características adaptativas. Vale a pena ressaltar que essa depressão pode representar no presente, a mais séria restrição ao aumento na consangüinidade, em populações submetidas à seleção (Meuwissen, Woolliams, 1994; Brisbane, Gibson, 1995).

Segundo Sanchez et al. (1999), é possível utilizar melhor a variabilidade genética existente numa população, por meio dos esquemas de seleção atuais e, dessa forma, reduzir a taxa de consangüinidade e seu efeito de depressão, sem prejuízos ao progresso genético.

1.3 Tamanho Efetivo de População.

O número efetivo ou Tamanho Efetivo da População representa o número de indivíduos que daria origem à taxa de consangüinidade ou incremento da consangüinidade apropriado para as condições consideradas, caso os indivíduos se acasalassem em uma população ideal. A aplicação do conceito de tamanho efetivo se baseia na idéia de que se pode relacionar uma população real de Nm machos e Nf fêmeas com uma população ideal de tamanho efetivo N_e . O tamanho efetivo de população é inversamente proporcional a taxa de aumento de endogamia média da população, ou seja: $\Delta F = 1/2N_e$. Assim, o N_e é um importante parâmetro populacional porque serve de “termômetro” para avaliar os níveis de endogamia, sendo um indicativo da variabilidade genética presente em uma população com número equivalente de animais não aparentados (Weigel, 2003).

Segundo Wright (1938), a oscilação do Ne pode ser atribuída a fatores como desvios da razão de sexos de 1:1, flutuações no tamanho da população e diferenças no sucesso reprodutivo. Quando reprodutores são acasalados com várias fêmeas, a redução no tamanho efetivo da população é proporcional ao aumento na relação fêmea: macho. O tamanho efetivo da população é afetado pela geração com menor número de animais. A diferença entre o número de filhos que um reprodutor deixa afeta o tamanho efetivo da população.

Faria et al. (2001) calcularam o tamanho efetivo da população de animais da raça Nelore controlados pela ABCZ (Associação Brasileira de Criadores de Zebu) e encontraram que toda a população controlada apresenta variabilidade genética esperada equivalente a uma população de 68 animais não aparentados. Os autores apontaram que o principal motivo para este resultado foi o uso excessivo de determinados touros. No período de 1994 a 1998, 10 touros (0,096% do total) foram pais de 19,3% dos animais controlados (10.357 filhos/touro).

Goddard e Smith (1990) sugeriram Ne mínimo de 40 por geração para maximizar o ganho genético em população selecionada para produção de leite, enquanto Meuwissen & Wooliams (1994) recomendaram valores entre 30 a 250 para prevenir decréscimos nas características de resistência e adaptação. Nicholas (1980) propôs o Ne mínimo de $50 / \bar{L}$ ($\bar{L}$ - Intervalo médio de gerações), que implicaria em taxas de ΔF de no máximo 1% ao ano.

1.4 Efeitos Genéticos da Consangüinidade

O efeito principal da consangüinidade é aumentar a homozigose do rebanho e, em consequência, reduzir a heterozigose. Este efeito é tanto maior quanto maior for o parentesco entre os indivíduos que se acasalam.

A consangüinidade é um sistema de acasalamento que não altera a freqüência gênica. A única força capaz de alterar a freqüência gênica é

a seleção. Como a consangüinidade aumenta a homozigose, tanto para genes dominantes como recessivos, é necessário que haja seleção se estes são preferidos em relação aos heterozigotos.

A consangüinidade ao reduzir a heterozigose favorece a identificação de genes recessivos indesejáveis ou de efeitos deletérios. A identificação destes recessivos é extremamente importante sob o ponto de vista de melhoramento animal. A maioria destes genes está relacionada com baixa fertilidade, alta mortalidade, redução do vigor e do valor adaptativo dos animais.

A consangüinidade contribui para aumentar a variabilidade fenotípica de um rebanho, pela separação da população em famílias distintas e uniformes dentro de si, mas bastante diferentes umas das outras. Isto permite a realização da seleção entre as famílias formadas, o que seria impossível se os acasalamentos ocorressem ao acaso. Endogamia é um processo difícil de ser evitado em populações fechadas, particularmente naquelas que estão sendo selecionadas para uma única 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 e Kennedy, 1988), pois animais aparentados tendem a ter valores genéticos similares, o que torna mais provável a seleção de parentes.

O desempenho reprodutivo é reconhecidamente o mais afetado pela endogamia. Observa-se acentuada diminuição da fertilidade, como resultado da esterilidade gamética, do aumento da mortalidade embrionária, da redução do peso fetal e, por conseqüência, da viabilidade do recém nascido. O número de serviços por concepção tende a aumentar e, quando a mãe e o feto são endogâmicos, a mortalidade embrionária é mais elevada. Há registros também de maior suscetibilidade dos bezerros recém nascidos às infecções (Pereira, 2001).

Pereira (2001) salienta que a endogamia não apenas reduz a média da característica como também, os animais endogâmicos parecem ser mais sensíveis às influências ambientais.

De modo geral, a endogamia provoca redução no mérito genético individual nas características produtivas e reprodutivas, possivelmente, devido à redução na variância genética aditiva. Contudo, o efeito depressivo é relativamente menor sob baixos níveis de endogamia. 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 aumento contínuo do nível de endogamia e do número de animais endogâmicos. Oliveira et al. (1999) ainda ressaltam a dificuldade de redução do coeficiente de endogamia quando a seleção é praticada em apenas uma característica.

A inclusão de fichas zootécnicas contendo nos registros, falhas na concepção, abortos, reabsorção de fetos e defeitos anatômicos, bem como a anotação do touro com o qual a vaca foi acasalada, permitiria melhor conhecimento dos reais efeitos da endogamia sobre características de importância econômica nos bovinos (Queiroz et al., 1993).

De maneira geral, o criador por conhecer o efeito depressivo da endogamia não a pratica de forma deliberada e, quando o faz, procura fazê-lo em níveis e taxas bem suaves. Entretanto, tecnologias de inseminação artificial e transferência de embrião permitem a utilização intensiva de animais com melhores valores genéticos e, dessa maneira, propicia o aumento de parentesco entre os animais o que, a longo prazo, conduz ao aumento da endogamia.

É importante ressaltar que, genes recessivos geralmente são menos favoráveis de que seus pares dominantes, embora não seja regra. Como os genes dominantes se manifestam em heterozigose, a seleção deve ser favorável a seu aumento na população, e se for pensado que a homozigose recessiva de determinados pares de genes leva a um menor

vigor, ou até a morte, a seleção para genes dominantes favoráveis é produto da evolução das espécies, o que nos fornece, em boa parte, as causas que promovem a consangüinidade e suas conseqüentes perdas de valores produtivos e adaptativos quando se pratica a seleção para fixar um grupo genético.

Poggian (2008) recomenda que não se faça o acasalamento de indivíduos aparentados, de modo a gerar descendentes com coeficiente de endogamia em torno de 12%, tendo em vista o comprometimento de aspectos produtivos e reprodutivos.

1. 5 Procedimentos de Controle da Endogamia

Diferentes métodos têm sido propostos para reduzir a taxa de endogamia de modo que, o ganho genético não seja prejudicado, tais como: utilização de estimativas de herdabilidades viesadas; uso limitado de pais selecionados; restrição no número de indivíduos selecionados por família e no número de famílias; redução direta no peso atribuído a média da família no índice de seleção; seleção baseada em valores genéticos preditos, utilizando um fator dependente da média de parentesco do indivíduo com outros parentes selecionados; seleção baseada em valores genéticos preditos menos um fator dependente da variância do erro de predição; aumento do número de pais selecionados; acasalamentos não aleatórios entre os pais selecionados - acasalamentos de mínima coancestralidade e acasalamentos compensatórios; otimizar simultaneamente a seleção de candidatos e a determinação de seus acasalamentos através de programações lineares; combinação de métodos de seleção e estratégias de acasalamentos.

1.5.1 Utilização de estimativas de herdabilidades viesadas

Grundy et al. (1994) combinaram métodos de seleção e tipos de acasalamentos em seu estudo, avaliando, com destaque, o uso de herdabilidades viesadas na seleção baseada no BLUP com uso do modelo animal, em associação ao acasalamento do tipo compensatório. O trabalho foi realizado com populações de diferentes razões sexuais (1, 3 e 6) submetidas a seleção baseada no BLUP adotando modelo animal ao longo de 10 gerações, os autores constataram que a utilização de um valor superestimado da herdabilidade (0,40) ao invés do valor verdadeiro (0,20) promoveu uma redução em torno de 25% da taxa de endogamia enquanto que a resposta média alcançada sofreu pequenas reduções. Ao se usar valores viesados de herdabilidade, acima de seu valor verdadeiro, a variância do tamanho da família pode ser reduzida e o tamanho efetivo, aumentado (TORO e PEREZ-ENCISO, 1990; GRUNDY et al., 1994). No entanto, segundo Caballero et al. (1996), os tipos de acasalamentos não-aleatórios têm sido pouco investigados.

Grundy et al. (1998) destacou que embora a maioria das alternativas propostas para otimizar o ganho genético e o incremento de endogamia tem sido avaliada considerando gerações discretas, a utilização de estimativas superestimadas de herdabilidade foi eficiente na redução da taxa de endogamia considerando sobreposição de gerações. Wu e Schaeffer (2000) demonstraram que valores altos de herdabilidade afetam principalmente animais que possuem registros, assim na avaliação de bovinos leiteiros, por exemplo, a adoção de valores artificialmente altos da h^2 (superestimados), provavelmente, irá afetar mais as estimativas dos valores genéticos das matrizes do que dos reprodutores.

Caballero e Santiago (1994) encontraram decréscimos na taxa de endogamia, quando associaram o acasalamento do tipo compensatório e o uso de herdabilidades viesadas na seleção baseada no BLUP, equivalentes à soma das reduções obtidas com o uso de cada estratégia em separado. Quinton and Smith (1995), trabalhando com simulação para

avaliar alternativas de seleção e níveis de endogamia, relataram otimismo no uso de herdabilidade viesadas em avaliações genéticas realizadas utilizando BLUP.

Villanueva et al. (1994) consideraram várias estratégias para controlar endogamia em rebanhos de núcleos MOET de gado de corte. Estas estratégias incluíam diminuir a intensidade na seleção de fêmeas, aumentar o número de doadoras e aumentar artificialmente a herdabilidade na avaliação genética feitas pelo BLUP. Segundo o autor, aumentar a herdabilidade de 0,35 para 0,70 levou a uma redução significativa da endogamia. Esta redução na endogamia pelo uso de herdabilidade viesada em avaliações genéticas no BLUP em núcleos MOET também é relatado por Luo et al. (1995).

1.5.2 Aumento do número de pais selecionados

De acordo com FALCONER (1981), várias situações podem reduzir o tamanho efetivo das populações, entre eles podemos citar: números diferentes de machos e fêmeas por geração, número desigual de indivíduos em gerações sucessivas e distribuição não ao acaso do tamanho da família. Segundo Quinton et al. (1994), citado por QUINTON e SMITH (1995), apenas o aumento do número de machos selecionados, o que implica em aumento do tamanho efetivo da população (N_e), já seria suficiente para alterar as respostas aos diferentes métodos de seleção propostos.

Brisdane e Gibson (1995), avaliando diferentes estratégias de seleção compararam diferentes tamanhos populacionais e razões sexuais, destacando que na determinação da razão sexual adotada deve-se ponderar os interesses quanto a intensidade de seleção e a endogamia. Os autores observaram que a utilização de um número elevado de matrizes (128) com o mesmo número de reprodutores (8)

proporcionou níveis de endogamia similares com os apresentados na população com 64 matrizes, indicando que sob as condições avaliadas, o aumento do número de matrizes não foi eficiente na redução da endogamia.

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

A redução do tamanho efetivo pode ser consequência de fatores como, desvios da razão de sexos de 1:1, flutuações no tamanho populacional e a diferenças no sucesso reprodutivo, representado através do aumento da variância do número de progênies. Goddard e Smith (1990) recomendam um tamanho efetivo mínimo de 40 por geração para maximizar o retorno econômico enquanto que Meuwissen e Woollians (1994) recomendam valores entre 30 e 250 para prevenir decréscimos no valor adaptativo. Verrier et al. (1993), usando simulação para verificar os efeitos da seleção a longo prazo, em pequenas populações submetidas à seleção pelo valor genético obtido pelo BLUP, com modelo animal, observaram que nas populações de pequeno tamanho, o efeito da oscilação foi maior e a variância genética decresceu rapidamente. Em contraste, em populações de tamanho maior, o efeito da oscilação não foi tão grande e a variância genética manteve-se substancialmente.

Siegel e Dunnington (1997) defendem que, o tamanho efetivo das populações e a intensidade de seleção, não somente influenciam a taxa de mudança nas características sob seleção e correlacionadas, mas

também influenciam o tempo para se alcançar o limite de seleção. Limites podem ocorrer como consequência de perdas ou fixação de alelos.

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

1.5.3 Acasalamentos não aleatórios entre os pais selecionados - acasalamentos de mínima coancestralidade e acasalamentos compensatórios

Segundo Hartl, (1988) os tipos de acasalamento definem, em parte, as frequências genóticas de uma população, sem alterar, contudo, as frequências alélicas. Nos programas de melhoramento genético, sistemas de acasalamento podem ser utilizados como uma ferramenta capaz de alterar a constituição das populações, sendo que os acasalamentos entre parentes podem ser realizados ou evitados propositalmente a fim de atender os objetivos do programa (Wang, 1995).

Diferentes métodos têm sido propostos para reduzir as taxas de endogamia em populações submetidas à seleção. Dentre estes métodos está a utilização de sistemas de acasalamento não aleatórios. Entre os diferentes sistemas de acasalamento, o método de acasalamento ao acaso é um dos mais simples entre os que têm sido utilizados, e consiste na alocação aleatória dos machos e fêmeas selecionados, ou seja, o acasalamento ocorre ao acaso em relação aos genótipos existentes, sendo que a probabilidade de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à frequência do genótipo na população.

Nos últimos anos, diferentes métodos têm sido propostos para reduzir as taxas de endogamia em programas de melhoramento genético, enquanto se busca manter os ganhos genéticos no mesmo nível. Estes métodos assumem várias estratégias de seleção e de acasalamento, ou ambas simultaneamente. Segundo Schaeffer et al (2001), os diferentes métodos poderiam ser divididos em duas filosofias de trabalho: uma consiste em evitar a endogamia, que poderia ocorrer após os valores genéticos terem sido calculados por um modelo linear apropriado, através da seleção de estratégias de acasalamentos; a outra consiste em obter estimativas dos valores genéticos ajustadas para endogamia, assim se resultaria em seleções e acasalamentos baseados em valores genéticos ajustados, que diminuiria automaticamente a taxa de endogamia.

Wright (1921), citado por Caballero et al. (1996) foi o primeiro a definir um sistema regular de acasalamento o qual consistia em evitar ao máximo o acasalamento entre parentes, tanto quanto possível, buscando assim, evitar, também ao máximo, a endogamia.

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

O acasalamento de mínima coancestralidade é o tipo de acasalamento em que a média do coeficiente de coancestralidade do par acasalado, entre os animais selecionados, é minimizada. A formação dos pares é obtida através da utilização de algoritmos de programação linear

(Press et al., 1992, citado por Caballero et al., 1996). Considerando N_m machos selecionados e N_f fêmeas acasaladas, a matriz de acasalamento x_{ij} é construída de modo que:

$$\sum_{i=1}^{N_m} \sum_{j=1}^{N_f} X_{ij} \theta_{ij}, \text{ seja mínimo.}$$

Onde θ_{ij} é a coancestralidade entre o macho i e a fêmea j , sendo impostas as seguintes restrições:

$$X_{ij} = 0 \text{ ou } 1;$$

$$\sum_{i=1}^{N_m} X_{ij} = 1; \sum_{j=1}^{N_f} X_{ij} = \frac{N_f}{N_m}$$

$$\sum_{i=1}^{N_m} X_{ij} = 1; \sum_{j=1}^{N_f} X_{ij} = \frac{N_f}{N_m}$$

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

Tanto o acasalamento compensatório quanto o de coancestralidade mínima reduzem a variância da contribuição, em longo prazo, dos ancestrais para os descendentes, através da redução do efeito acumulativo da seleção e aumento dos desvios das proporções de Hardy - Weinberg (através de diferentes extensões). Contudo, existe uma diferença fundamental entre os princípios dos dois sistemas. O acasalamento compensatório é baseado na idéia de cancelar o processo acumulativo da perda devida ao fato de todas novas famílias serem

idênticas a respeito da contribuição total de seus ancestrais (Santiago e Caballero, 1995). Já a coancestralidade mínima, ao contrário, é baseada na escolha de pais menos aparentados utilizando informações do pedigree.

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

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

Utilizando informações de uma pequena população (8 reprodutores e 8 matrizes) selecionada por cinco gerações, Toro e Pérez-Enciso (1990) compararam o método de acasalamento de mínima coancestralidade com o de acasalamento ao acaso e observaram que a redução na endogamia causada pelo acasalamento de mínima coancestralidade, seria reflexo do atraso de uma geração no aparecimento da endogamia (na geração 1,

$F=0$). Contrariando esta idéia Caballero et al. (1996) destacaram que a redução na endogamia causada pelo acasalamento de mínima coancestralidade deve-se também à redução proporcional da taxa de endogamia. Assim, os autores destacaram que evitando acasalamentos endogâmicos têm-se, conseqüentemente, efeitos acumulativos e permanentes na redução da endogamia em populações submetidos à seleção.

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

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

Segundo Fernández (2003) o sistema de acasalamento compensatório é mais eficiente em situações com menor endogamia (seleção fenotípica ou população de grande tamanho efetivo) e o de

mínima coancestralidade é mais eficiente sob alta endogamia (seleção por BLUP, baixa herdabilidade e população de pequeno tamanho efetivo).

Os sistemas citados assumem que os animais selecionados são os de maiores performances e, conseqüentemente, supõe-se que as taxas de respostas são pouco afetadas pelos sistemas de acasalamento. Contudo, estes sistemas implicam em certo fator negativo associado ao tipo de acasalamento, o qual tende a reduzir ligeiramente a variância genética e a resposta à seleção em curto período de tempo (Crow e Kimura, 1970, citados por Caballero et al., 1996). Considerando médio ou longo prazo, a redução na taxa de endogamia, devido aos acasalamentos não aleatórios, irá compensar a perda na variância, assim, espera-se que as respostas sejam similares ou maiores do que sob acasalamento ao acaso (Caballero et al., 1996).

1.5.4 Combinação de métodos de seleção e estratégias de acasalamentos.

1.5.4.1 Tipos de acasalamento

Os tipos de acasalamento definem, em parte, as freqüências genóticas de uma população, sem alterar, contudo, as freqüências alélicas (Hartl, 1988).

O acasalamento ao acaso é um dos tipos mais simples e importantes e ocorre ao acaso com relação aos genótipos em consideração. Neste tipo de acasalamento, a chance de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à freqüência desse genótipo na população.

Ressalta-se que o acasalamento pode ser ao acaso com relação a algumas características e não ao acaso com relação a outras.

Quanto ao acasalamento não ao acaso, numa grande população, o acasalamento entre parentes reduz a heterozigosidade, devido ao

afastamento do equilíbrio de Hardy-Weinberg. Contudo, esse equilíbrio pode ser restabelecido tão logo ocorra uma geração de acasalamentos ao acaso, considerando-se dois alelos de um único gene com frequências iguais nos machos e nas fêmeas e a não-sobreposição das gerações (Caballero, 1994). Entretanto, numa pequena população, tanto o acasalamento ao acaso quanto o não ao acaso têm como principal efeito o aumento na frequência de genótipos homozigotos, às custas de redução na frequência dos heterozigotos, para todos os genes. Tal fato acarreta endogamia, que pode ser amenizada apenas pelo cruzamento com outras populações.

Por isso, em algumas situações, torna-se imprescindível evitar ao máximo o acasalamento entre parentes, a fim de impedir seu impacto negativo sobre a população, ainda mais quando se tratar de pequenas populações, como nos casos de pequenos núcleos para conservação genética e também de núcleos MOET (Nicholas e Smith, 1983) em intensa seleção.

Wright (1921), citado por Caballero (1994), foi o primeiro a definir um sistema regular de acasalamento, no qual o parentesco entre os indivíduos era evitado ao máximo, tanto quanto possível, de forma a se evitar, também ao máximo, a endogamia.

Cockerham (1970) afirma que a oscilação genética pode ser reduzida efetuando-se o acasalamento não ao acaso entre indivíduos, com base no grau de parentesco entre eles. Nesse sentido, a exclusão de acasalamentos entre irmãos aumenta a frequência de heterozigotos, e assim os indivíduos têm maior probabilidade de ter frequências gênicas (ou genotípicas) similares. No entanto, Wang (1997) comenta que, na prática, isso exigiria que o parentesco entre os casais fosse maior do que o parentesco médio na população e que esses casais estivessem em seleção para formação de famílias de tamanhos iguais. Segundo esse autor, em longo prazo, o acasalamento ao acaso entre rebanhos não-irmãos sempre fornece a menor endogamia em qualquer geração, de

modo que evitar o acasalamento entre irmãos apresenta a vantagem de reduzir a variação nos coeficientes de endogamia de indivíduos diferentes de uma mesma geração. Esse efeito é mais evidente nas primeiras gerações, sendo importante para se evitar a depressão por endogamia.

De maneira geral, independentemente do tamanho da população, o acasalamento de mínimo parentesco é denominado tipo de acasalamento em que o coeficiente de parentesco médio do casal, no grupo selecionado, é minimizado. Esse tipo, segundo TORO et al. (1988), pode ser implementado utilizando-se técnicas de programação linear.

1.5.4.2 Seleção x Endogamia

Keller et al. (1990) investigaram a importância de diferentes fatores afetando a resposta à seleção em uma população fechada e mostraram que a depressão por endogamia poderia ser o principal fator na redução da resposta genética à seleção.

De acordo com Oliveira et al. (1999), a endogamia tem sido praticada em conjunção com a seleção, com o objetivo de melhorar o desempenho, bem como aumentar a uniformidade dentro do rebanho. Na ausência de endogamia, a seleção é um instrumento eficiente no melhoramento de características de importância econômica. Entretanto, é possível que a depressão endogâmica possa afetar de forma negativa a resposta positiva da seleção, resultando em perda ou em nenhum ganho no desempenho. A seleção combinada com a endogamia poderia ser uma maneira de produzir animais que transmitam suas características desejáveis, com mais uniformidade do que os resultantes apenas do processo seletivo. Contudo, a endogamia somente será escolhida como sistema de acasalamento pelos criadores, se a eficiência reprodutiva e o nível de produção de seus rebanhos não forem afetados drasticamente.

O aumento da taxa de endogamia em programas de seleção pode ter um importante efeito na resposta à seleção a médio e longo prazo e no

desempenho reprodutivo através da redução da variabilidade genética, depressão endogâmica e redução na fixação de alelos favoráveis (Meuwissen e Woollians, 1994).

Segundo Caballero et al. (1996), a seleção artificial geralmente resulta em grande variância do tamanho de família e reduz o tamanho efetivo de populações. Além disso, a seleção baseada nas estimativas de valores genéticos através de índices ou do BLUP, segundo um modelo animal capaz de otimizar as respostas à seleção a curto prazo, geralmente conduz a aumentos na taxa de endogamia, pois animais aparentados possuem valores genéticos similares. Nesse contexto, existe aumento na acurácia de seleção, como também aumento ao peso atribuído à informação da família, quando a herdabilidade é baixa, no qual ambos contribuem para agravar os efeitos da seleção em relação à endogamia, de tal forma que se torna necessário balanço entre resposta à seleção a curto e longo prazo.

Cunha (2001), avaliando a seleção individual e com base no BLUP, em populações com tamanhos efetivos diferentes, observou que o BLUP forneceu durante pelo menos 45 gerações, os maiores valores fenotípicos em relação à seleção individual, considerando-se os tipos de acasalamentos que excluíram acasalamentos entre irmãos e os maiores tamanhos efetivos das populações. Contudo, a seleção com base nos valores genéticos dos animais proporcionou maiores valores dos coeficientes de endogamia, maiores perdas por fixação e menores valores do limite de seleção para o mesmo tamanho efetivo da população.

A seleção com base no BLUP é capaz de maximizar a resposta, porém métodos de seleção que atribuem menor ênfase à informação de família, podem ser uma alternativa interessante, principalmente nas pequenas populações, em que o objetivo consiste em otimizar o ganho a longo prazo (Verrier et al., 1993).

Meuwissen e Woollians (1994) relataram que em populações de animais domésticos, a adaptação pode ser reduzida em função da

resposta negativamente correlacionada à seleção artificial e, de outra forma, pode aumentar devido à seleção natural. Quando a adaptação diminui, como resposta negativamente correlacionada à seleção artificial, torna-se necessário um aumento no tamanho efetivo crítico da população. Porém se a resposta negativa for maior do que a resposta à seleção natural, não há como impedir que a adaptação se reduza. Esses autores ainda afirmaram que os tamanhos efetivos necessários para prevenir o declínio na adaptação estão entre 30 e 250, geralmente, maiores do que aqueles que otimizam o ganho genético por seleção. A associação negativa entre a adaptação e a característica métrica, provavelmente, influencia o limite da seleção da característica considerada, mas esta não tem sido a principal causa do platô (Eisen, 1980, citado por Cunha, 2001).

Segundo Sanchez et al. (1999), a utilização da variabilidade genética da população, nos métodos atuais de seleção, pode ser melhorada com o objetivo de reduzir a taxa de endogamia e a depressão por endogamia, sem prejudicar o progresso genético.

Caballero et al. (1996) estudaram diferentes sistemas de acasalamentos, no intuito de reduzir a endogamia em populações selecionadas. De acordo com esses autores, diferentes métodos têm sido propostos para reduzir a taxa de endogamia de modo que, o ganho genético não seja prejudicado, tais como: utilização de estimativas de herdabilidades viesadas; uso limitado de pais selecionados; restrição no número de indivíduos selecionados por família e no número de famílias; redução direta no peso atribuído a média da família no índice de seleção; seleção baseada em valores genéticos preditos, utilizando um fator dependente da média de parentesco do indivíduo com outros parentes selecionados; seleção baseada em valores genéticos preditos menos um fator dependente da variância do erro de predição; aumento do número de pais selecionados; acasalamentos não aleatórios entre os pais selecionados - acasalamentos de mínima coancestralidade e acasalamentos compensatórios; otimizar simultaneamente a seleção de candidatos e a determinação de seus acasalamentos através de

programações lineares; combinação de métodos de seleção e estratégias de acasalamentos.

Cunha (2001), avaliando diferentes tipos de acasalamento e diferentes tamanhos efetivos (36,36, 19,04, 15,38 e 7,84) em populações selecionadas, a longo prazo, relatou que os acasalamentos que apresentaram melhores resultados quanto aos valores fenotípicos e exerceram controles mais efetivos sobre o aumento da endogamia foram aqueles que excluíram acasalamentos entre irmãos. Esse autor ainda ressalta que quando o tamanho efetivo de população é maior, não permitir acasalamentos entre irmãos, apenas tem efeito no retardamento do aparecimento da endogamia.

A redução do coeficiente de endogamia conduz a uma melhor utilização da variabilidade genética disponível na população base e diminuição na depressão com relação à característica considerada na seleção.

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

Breda et al. (2004) avaliaram o comportamento do coeficiente de endogamia e do limite de seleção considerando população-base selecionada, utilizando seleção com base nos valores genéticos preditos pelo BLUP. Foram consideradas três gerações distintas: geração-base, 0 (verdadeira), 3 e 7. Quando não se utilizou a população-base verdadeira, os coeficientes de endogamia foram subestimados. As populações com as gerações 3 e 7 como base apresentaram as mesmas taxas de fixação de alelos favoráveis e os mesmos valores do limite de seleção das populações que incluíram a população-base verdadeira.

Recentemente, tem-se estudado a possibilidade de utilização de informações de similaridade genética, por meio de marcadores moleculares, na aplicação da metodologia de modelos mistos. Esta metodologia tem sido denominada BLUP marcadores ou BLUPM, como nos trabalhos de Euclides (1996) e Silva Filho (2001).

2 – Referências Bibliográficas

- BELONSKY, G. M., e KENNEDY, B.W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. J. Anim. Sci. v.66, p.1124, 1988.
- BREDA, F. C. Influência de populações selecionadas sobre a avaliação genética animal. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2003, 59p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- 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.
- BRISBANE, J.R.; GIBSON, J.P. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. Theoretical and Applied Genetics. 91: 421-431, 1995.
- CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M.A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. Journal of Animal Science, v.62, p.431-442, 1996.
- CABALLERO. A. Developments in the prediction of effective population size. Heredity, v. 73, p.657-679, 1994.
- CARNEIRO, P. L. S. Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CAVALHEIRO, R. Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. Anais. II Gempec - Workshop em Genética e Melhoramento na Pecuária de Corte, 2004.

- COCKERHAM, C. C. Avoidance and rate of inbreeding. *Mathematical Topics in Population Genetics*, K. Kojima (ed). New York: Springer – Verlag, p. 104-127, 1970.
- CROW, J.F., KIMURA, M. An introduction to population genetics theory. Minneapolis: Alpha Editions. 591p, 1970.
- CUNHA, E. E. Avaliação de tipos de acasalamentos em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 104 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- 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.
- EISEN, E. J. Population size and selection intensity effects on long term selection response in mice. *Genetics*, v. 79, p. 305-323, 1975.
- EUCLYDES, R.F. Uso do sistema para simulação GENESYS na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: UFV, 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).
- FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. 1.ed. Viçosa-MG: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FALCONER, D.S. *Introducion to Quantitative Genetics*. 3rd edition, New York, Logman Scientific & Technical, 438p, 1989.
- FARIA, F. J. C. et al. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Nelore. *Anais da 38ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia*, 2001.
- FERNÁNDEZ, J. Equilibrio respuesta consagunidad. In. XIII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, Espanha 2003. 55p.

- GODDARD, M.G., SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. *Journal of Dairy Science*, v. 73, p. 1113-1122, 1990.
- GRUNDY, B.; CABALLERO, A.; SANTIAGO, E. et al. A note on using biased parameter values and non-random mating to reduce rates of inbreeding in selection programmes. *Animal Production*, v.59, p.465-468, 1994.
- HARTL, D. L. A primer of population genetics. Sunderland, Massachusetts: Sinauer Associates, Inc.(ed), 2nd edition, 1988. 305p.
- KELLER, D.S.; GEARHEART, W.W.; SMITH, C. A comparison of factors reducing selection response in closed nucleus breeding schemes. *Journal of Animal Science*. v.68, p.1553-1561, 1990.
- LUO, Z. W., WOOLLIAMS J. A., THOMPSON R. Controlling inbreeding in dairy MOET nucleus schemes. *Anim. Sci.* 60:379-387, 1995.
- LUSH, J.L.. *Animal breeding plans*. 3 ed. Ames: Iowa State College Press. 443p, 1945.
- MEUWISSEN, T. H. E., WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 89, p. 1019-1026, 1994.
- NICHOLAS, F.W. 1980. Size of population required for artificial selection. *Genetical Research*, 35:85-115.
- OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.28, n.4, p.721-728, 1999.
- PENNA, V.M. Efeito da endogamia em características de peso e reprodução da raça Tabapuã. Ribeirão Preto, SP: FMRP, 1990. 102p. Tese (Doutorado em Genética) - Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto/Universidade de São Paulo, 1990.

- PEREIRA, J.C.C. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 3.ed. Belo Horizonte, 2001.555p.
- POGGIAN, C. F. Variabilidade genética e endogamia na população Guzerá sob seleção para a produção de leite. Juiz de Fora: ICB/UFJF, 2008, 58p. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) - Instituto de Ciências Biológicas/Universidade Federal de Juiz de Fora, 2008.
- QUEIROZ, S.A.; LÔBO, R.B.; MARTINEZ, M.L. Efeito da endogamia sobre algumas características de importância econômica na raça Gir. Revista Brasileira de Zootecnia, v.22, n.5, p.773-786, 1993.
- QUINTON, M., SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. Journal of Animal Science, v. 73, n. 8, p.2208-2212, 1995.
- SANCHEZ, L.; TORO, M.; GARCIA, C. Improving the efficiency of artificial selection: more pressure with less inbreeding. Genetics. v.151, p.1103-1114, 1999.
- SANTIAGO, E.; CABALLERO, A. Effective size of population under selection. Genetics, 139: 1013- 1030, 1995.
- SCHAEFFER, L.; CALUS, M.; LIU, X. Genetic evaluation of conformation traits using random contemporary groups and reducing the influence of parent averages. Livestock Production Science, 69: 129 - 137, 2001.
- SHIMBO, M. V. et al. Efeito da endogamia sobre características produtivas de bovinos da raça Nelore. In: Simpósio Nacional da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal, 3., 2000, Belo Horizonte, MG. Anais... Belo Horizonte, 2000. p.388-390.
- SIEGEL, P. B., DUNNINGTON, E. A. Genetic selection strategies- population genetics. Poultry Science. V. 76, p. 1062-1065, 1997.
- SILVA, M.V.G.B.; FERREIRA, W.J.F.; 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.
- TORO, M.A.; PÉREZ-ENCIZO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. Genetic, Selection and Evolution, v. 22: 93 – 107, 1990.
- VERRIER, E., COLLEAU, J. J., FOULLEY, J. L. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. Theoretical and Applied Genetic, Berlin, v. 87, p. 446-454, 1993.
- Villanueva, B., J. A. Woolliams, and G. Simm. 1994. Strategies for controlling rates of inbreeding in MOET nucleus schemes for beef cattle. Genet. Sel. Evol. 26:517-535.
- WRIGHT, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurement of inbreeding and relationship. J. Heredity, v.14, p.339-348, 1923.
- WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. Sci., v.87, p. 430-431, 1938.
- WU, L.; SCHAEFFER, L.R. Reducing the effect of parent averages from animal solutions in mixed model equations. Journal Animal Breeding Genetics. v.117: p.361-374, 2000.
- ZAMBIANCHI A. R., FREITAS M. A. R., COSTA C. N., VIEIRA H. C. M. Genetic parameters of milk yield and inbreeding rate in Brazilian holstein herds . 7º World Congress on Genetics Applied to livestock production. N° 01/87 - 2002.

Capítulo 1

Acasalamentos compensatórios em populações simuladas

1 - Introdução

A endogamia ocorre quando os acasalamentos são efetuados entre parentes mais próximos do que seriam se os indivíduos tivessem sido escolhidos ao acaso de uma população. Os indivíduos aparentados têm um ou mais ancestrais em comum e, portanto, a extensão da endogamia está relacionada à quantidade de ancestrais que é compartilhada pelos pais dos indivíduos endogâmicos (Crow e Kimura 1970). Assim, dois indivíduos tendo um ancestral comum, podem transmitir réplicas de um dos genes presentes no ancestral comum para sua progênie (Falconer 1989).

Segundo Wright (1938), a oscilação do tamanho efetivo de população (N_e) pode ser atribuída a fatores como desvios da razão de sexos de 1:1, flutuações no tamanho da população e diferenças no sucesso reprodutivo. Quando reprodutores são acasalados com várias fêmeas, a redução no tamanho efetivo da população é proporcional ao aumento na relação fêmea: macho. O tamanho efetivo da população é afetado pela geração com menor número de animais. A diferença entre o número de filhos que um reprodutor deixa afeta o tamanho efetivo da população.

De acordo com FALCONER (1981), várias situações podem reduzir o tamanho efetivo das populações, entre eles podemos citar: números diferentes de machos e fêmeas por geração, número desigual de indivíduos em gerações sucessivas e distribuição não ao acaso do tamanho da família. Segundo Quinton et al. (1994), citado por QUINTON e SMITH (1995), apenas o aumento do número de machos selecionados, o que implica em aumento do tamanho efetivo da população (N_e), já seria suficiente para alterar as respostas aos diferentes métodos de seleção propostos.

Brisdane e Gibson (1995), avaliando diferentes estratégias de seleção compararam diferentes tamanhos populacionais e razões sexuais, destacando que na determinação da razão sexual adotada deve-se ponderar os interesses quanto a intensidade de seleção e a endogamia. Os autores observaram que a utilização de um número elevado de matrizes (128) com o mesmo número de reprodutores (8) proporcionou níveis de endogamia similares com os apresentados na população com 64 matrizes, indicando que sob as condições avaliadas, o aumento do número de matrizes não foi eficiente na redução da endogamia.

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

Goddard e Smith (1990) recomendam um tamanho efetivo mínimo de 40 por geração para maximizar o retorno econômico enquanto que Meuwissen e Woollians (1994) recomendam valores entre 30 e 250 para prevenir decréscimos no valor adaptativo. Verrier et al. (1993), usando simulação para verificar os efeitos da seleção a longo prazo, em pequenas populações submetidas à seleção pelo valor genético obtido pelo BLUP, com modelo animal, observaram que nas populações de pequeno tamanho, o efeito da oscilação foi maior e a variância genética decresceu rapidamente. Em contraste, em populações de tamanho maior, o efeito da oscilação não foi tão grande e a variância genética manteve-se substancialmente.

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

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

O acasalamento de melhores com piores (Acasalamento Compensatório) é uma metodologia que consiste em acasalar melhores machos com piores fêmeas ou vice-versa. A justificativa para uso deste método de acasalamento é a possível redução na endogamia, já que pressupondo que se existe grande diferença no valor genético dos indivíduos acasalados, também existirá distância em termo de parentesco.

A realização deste trabalho teve como objetivo avaliar o uso de acasalamentos compensatórios como ferramenta para controlar incremento de endogamia.

2 - Metodologia

2.1 Simulações dos dados

Para realização deste trabalho, foram simulados dados utilizando o sistema computacional GENESYS 2010, uma versão atualizada (EUCLYDES, 1996). O programa GENESYS permite a criação do genoma dos animais, sendo possível definir, para determinada característica, o número de locos e alelos envolvidos, número de efeitos fixos, bem como a herdabilidade, a média e a variância genética, além da média e da variância dos efeitos fixos. E o valor fenotípico dos animais é o resultado da soma dos efeitos aditivos dos genes, dos efeitos fixos considerados mais o efeito aleatório relativo ao ambiente.

Depois de simulado o genoma com as especificações desejadas, são gerados os animais da população-base por meio da combinação aleatória dos cromossomos e dos alelos simulados. Então, os animais da população-base são acasalados para gerar a população-inicial, que pode ser multiplicada por várias gerações sob diferentes métodos de seleção ou acasalamento ao acaso, permitindo os mais diversos tipos de estudo.

Durante os acasalamentos, todas as fases do processo reprodutivo são consideradas, incluindo a gametogênese, a zigotogênese e a recombinação gênica. Todas estas características do Genesys tornam os dados simulados muito próximos dos dados obtidos em populações reais.

2.2 Simulação do genoma

Neste trabalho, foi simulado um genoma de 958 centimorgans de comprimento, considerando uma característica cuja expressão era determinada por 200 locos com dois alelos por loco distribuídos em 40 cromossomos. As frequências iniciais dos alelos foram simuladas com

base na distribuição uniforme e tiveram valor inicial médio de 0,50. Os locos foram distribuídos ao acaso em quarenta pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios. Os alelos possuíam apenas efeitos aditivos, sendo desconsiderados os desvios de dominância e as interações epistáticas. Admitiu-se o efeito de sexo. Os efeitos não controlados de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal.

Estudou-se apenas uma característica quantitativa (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3 kg e desvio-padrão fenotípico de 0,3 kg e com herdabilidade (h^2) igual a 0,30.

2.3 Simulações das populações

2.3.1 População base

Foi simulada uma população-base constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). Na obtenção dos animais da população base, foram simulados os gametas (espermatozóides e óvulos), para a formação dos zigotos. Como os processos utilizados foram inteiramente aleatórios, desde a simulação dos gametas, pareamento, formação dos zigotos, considerou-se a inexistência de parentesco entre os indivíduos nesta população, uma vez que os gametas foram produzidos ao acaso e não como resultado de segregações mendelianas.

O sexo dos indivíduos foi definido pela simulação de um número aleatório, uniformemente distribuído e dentro do intervalo de 0 a 1, sendo considerado macho o indivíduo que estivesse no intervalo de 0 a 0,5 e fêmea, para os valores simulados entre 0,5 a 1.

2.3.2 População inicial

A partir da população base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 20 machos e 200 fêmeas, produzindo 8 descendentes por

acasalamento, gerando 1.600 indivíduos. O parentesco entre os indivíduos foram gerados a partir da população inicial. Esta estrutura de população era configurada com um tamanho efetivo de população de 72,72 associado a uma relação macho/fêmea de 1:10.

2.4 Populações submetidas à seleção

Depois de formada a população inicial, teve início à formação das populações de seleção.

A seleção foi praticada utilizando-se os valores genéticos preditos pelo BLUP (melhor preditor linear não viesado), com o uso do modelo animal. Foram consideradas as informações de pedigree das três últimas gerações. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A seleção foi conduzida por 50 gerações, sendo que o processo de simulação por geração foi repetido 20 vezes, a fim de reduzir os efeitos de flutuação genética (CARNEIRO, 2002).

A cada geração eram selecionados 20 machos e 200 fêmeas, e do acasalamento entre estes, eram gerados 8 filhos por acasalamento. Assim, o tamanho efetivo de população era 72,72 associado a uma relação macho/fêmea de 1:10 e intensidade de seleção de machos de 2,5%.

2.5 Métodos de Acasalamentos

No intuito de estudar o efeito do uso de acasalamentos não aleatórios em população sob seleção baseada no BLUP, foram simuladas populações com as seguintes formas de acasalamento:

- Acasalamento ao acaso (aaa) - A chance de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à frequência desse genótipo na população.

- Acasalamento com exclusão de irmãos completos (IC) e meio-irmãos (MI) – Acasalamento realizado com objetivo de redução de endogamia, já que não há sobreposição de gerações, não tivemos acasalamentos entre pais e filhos, logo o acasalamento que poderia resultar em maior consangüinidade seria de irmãos completos e meio-irmãos.

- Acasalamento de Melhores com Melhores – A intenção deste tipo de acasalamento é fazer com que melhores machos se acasalem com melhores fêmeas, sem levar em consideração nenhum tipo de restrição quanto a endogamia gerada.

- Acasalamento de Melhores com Piores (Acasalamento Compensatório) – A intenção deste tipo de acasalamento é fazer com que melhores machos se acasalem com piores fêmeas ou vice-versa, desta forma teríamos um tipo de compensação associado a uma reduzida endogamia, já que pressupomos que se existe grande diferença no valor genético dos indivíduos acasalados, também existirá distância em termo de parentesco.

Na figura 01 esta de forma resumida a metodologia passo a passo do processo de simulação utilizando o Genesys.

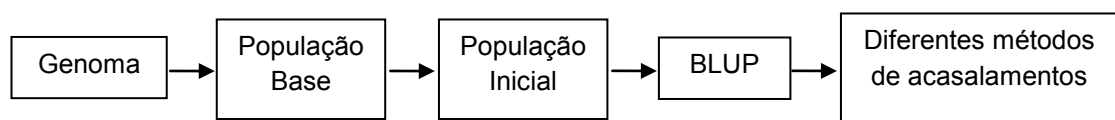


Figura 01 – Esquema com sequência de simulação realizada pelo software Genesys.

2.6 Parâmetros avaliados

Os tipos de acasalamento foram comparados por meio da avaliação dos seguintes parâmetros, no decorrer das gerações: valor fenotípico médio, endogamia média, endogamia máxima, perdas por fixação de alelos desfavoráveis, fixação de alelos favoráveis e limite da seleção.

2.6.1 Valor fenotípico Médio

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

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

$$\bar{P} = \frac{\sum_{i=1}^n P_i}{n},$$

Em que n é o número total de indivíduos na população, a cada geração.

2.6.2 Endogamia média e máxima

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

2.6.3 Perdas por fixação de alelos desfavoráveis

Calculou-se a percentagem de *loci* com alelos desfavoráveis fixados, considerada perda genética permanente, em função do número total de loci quantitativos para a característica em estudo.

2.6.4 Limite da seleção

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

3 - Resultados e Discussão

Na figura 2 são apresentadas as médias de valores fenotípicos ao longo de 50 gerações de populações sob seleção baseada no BLUP utilizando diferentes formas de acasalamento.

Todas as formas de acasalamento associadas à seleção baseada no BLUP geraram incrementos no valor fenotípico ao longo das gerações. O método de acasalamento compensatório foi o que apresentou melhor resultado a partir da 13ª geração. O método que acasala melhores reprodutores foi superior até a 12ª geração, seguido pelo método que exclui IC e MI. A partir da 13ª geração, o acasalamento entre melhores reprodutores começa a ter desempenho inferior aos demais métodos de acasalamentos.

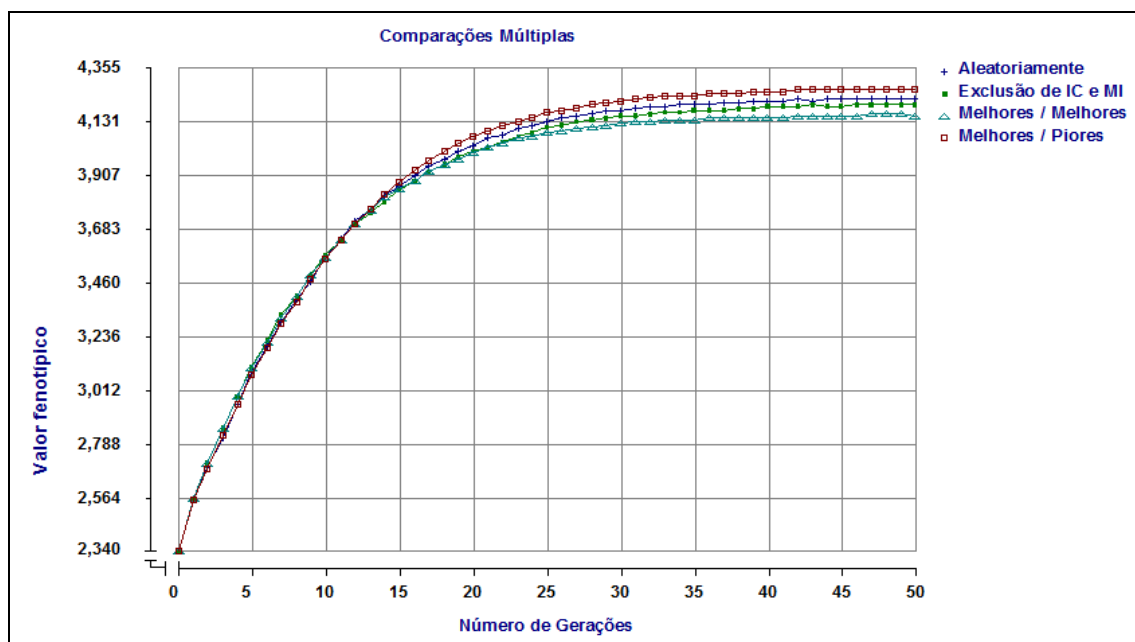


Figura 02 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, nos diferentes tipos de acasalamento ao longo de 50 gerações.

Na figura 3 é apresentada a porcentagem de alelos desfavoráveis fixados ao longo das 50 gerações de populações sob seleção baseada no BLUP utilizando diferentes formas de acasalamento.

Ocorreram aumentos nas taxas de perdas de variabilidade genética causadas pela fixação, em todos os tipos de acasalamento, ao longo das gerações. O método de acasalamento que apresentou maior porcentagem de alelos desfavoráveis fixados foi o de acasalamento entre melhores reprodutores.

No caso de acasarmos melhores machos com melhores fêmeas, estaremos acasalando os melhores animais selecionados, o que implica em dizer que estarão sendo acasalados os animais com maior porcentagem de genes favoráveis já fixados, restando para fixação, genes desfavoráveis.

De acordo com EUCLYDES (1996), o BLUP é capaz de localizar indivíduos portadores de loci quantitativos “importantes” e fixá-los nos alelos favoráveis. Contudo, durante a fixação de alelos de maiores valores fenotípicos, ocorrem perdas, ou seja, fixações nos alelos desfavoráveis de loci de menor importância, mas que, juntos, possuem grande valor. Esse fenômeno parece bastante associado à endogamia.

O método de acasalamento compensatório foi o que apresentou menor porcentagem de fixação de genes desfavoráveis, seguido pelo método de que exclui acasalamento entre IC e MI.

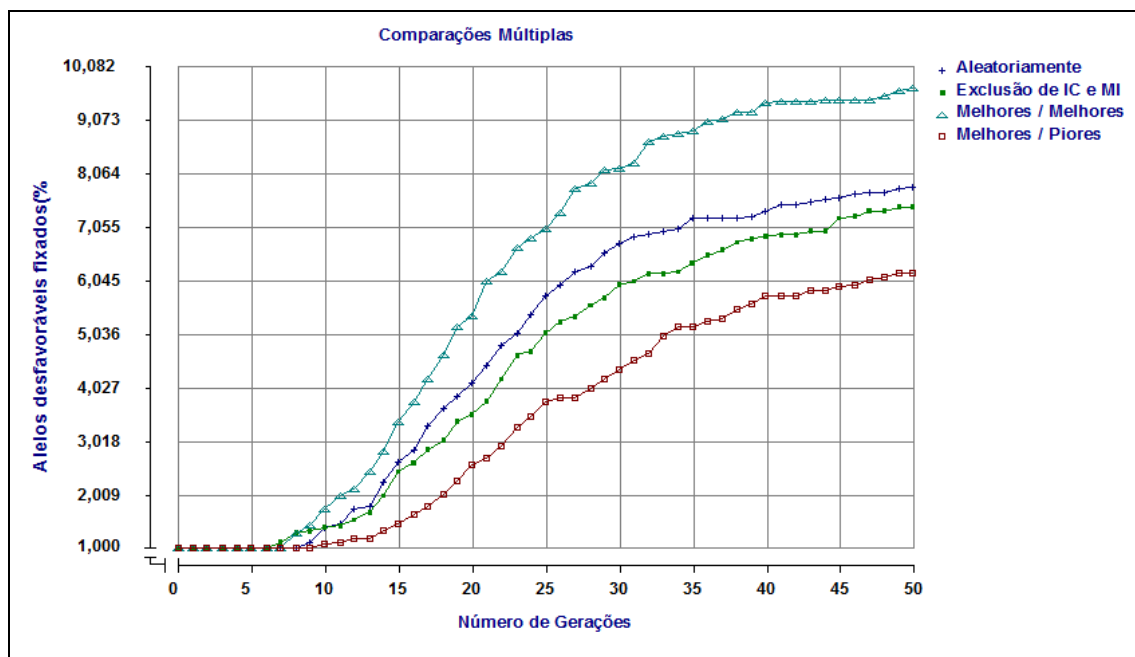


Figura 03 – Alelos desfavoráveis fixados, em porcentagem, obtidos pela seleção baseada no BLUP, nos diferentes tipos de acasalamento ao longo de 50 gerações.

Na figura 4 e 5 são apresentadas endogamia máxima alcançada na geração e a média de endogamia por geração em populações sob seleção baseada no BLUP utilizando diferentes formas de acasalamento.

Todos os métodos de acasalamentos propostos geraram aumentos nos valores de endogamia. Os maiores valores de endogamia nas duas situações foram obtidos pelo acasalamento entre melhores reprodutores. Os menores valores de endogamia máxima foram do método que exclui acasalamento entre IC e MI, seguido pelo método de acasalamento compensatório que propõe o acasalamento entre melhor e pior reprodutores. O método que melhor controlou o incremento de endogamia média foi o de acasalamentos compensatórios, seguido pelo método que exclui acasalamentos entre IC e MI.

Este resultado é parecido com o encontrado por Cunha (2001), ao qual avaliou diferentes tipos de acasalamento em populações selecionadas, em longo prazo, e o mesmo relatou que os acasalamentos

que apresentaram melhores resultados quanto aos valores fenotípicos e exerceram controle efetivo sobre o aumento da endogamia foram aqueles que excluíram acasalamentos entre irmãos.

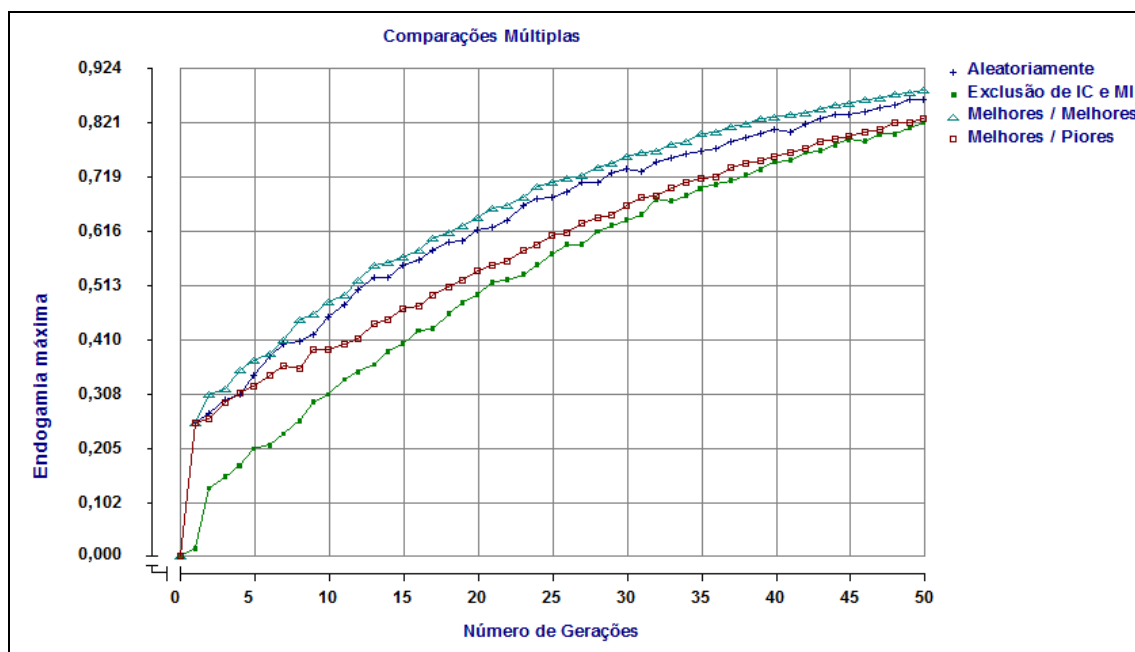


Figura 04 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, nos diferentes tipos de acasalamento ao longo de 50 gerações.

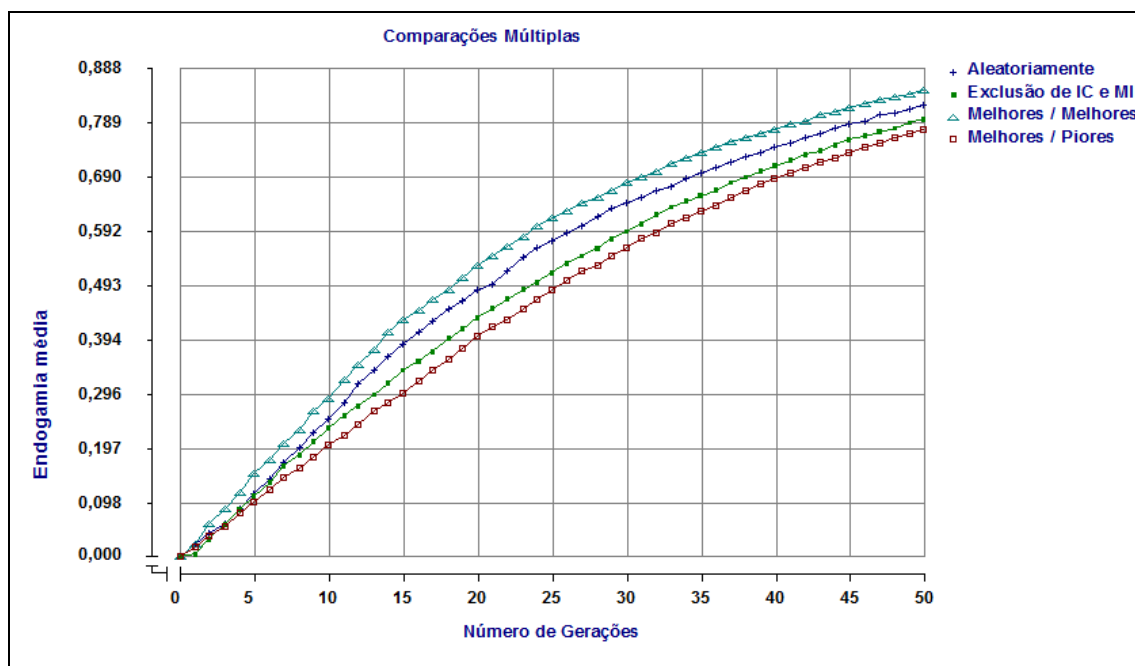


Figura 05 – Endogamia Média obtida pela seleção baseada no BLUP, nos diferentes tipos de acasalamento ao longo de 50 gerações.

Na figura 6 são apresentados os limites de seleção obtidos ao longo de 50 gerações de populações sob seleção baseada no BLUP utilizando diferentes formas de acasalamento.

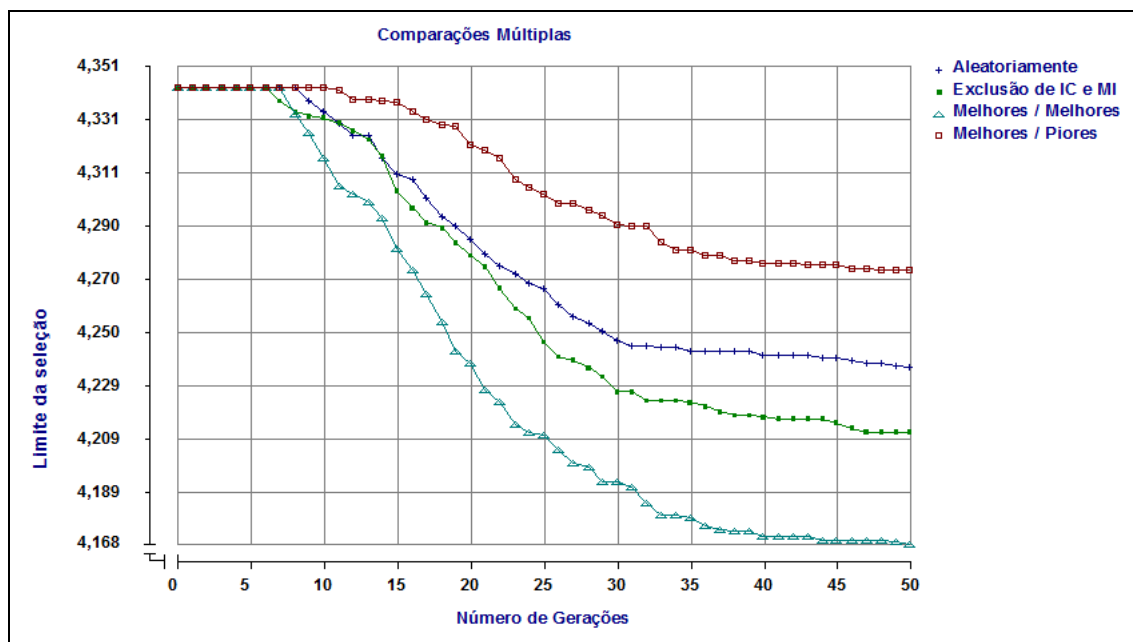


Figura 06 – Limite de Seleção obtido pela seleção baseada no BLUP, nos diferentes tipos de acasalamento ao longo de 50 gerações.

Foram observados decréscimos não-lineares ao longo das gerações, em todos os tipos de acasalamento. Este decréscimo pode ser considerado normal, pois de acordo com FALCONER (1987), não se espera respostas à seleção indefinidamente. Após determinado número de gerações, todos os alelos favoráveis, que estejam segregando, serão fixados. À medida que os alelos favoráveis se aproximarem da fixação, haverá redução na resposta à seleção, de maneira que, ao cessar a resposta, a população é dita estar no limite da seleção.

O método de acasalamento que apresentou menor limite de seleção ao longo das gerações é o que acasala melhores reprodutores. E o método de acasalamento compensatório que acasalam melhores e piores reprodutores foi o que apresentou maior limite de seleção.

Podemos associar os resultados de endogamia e limites de seleção, obtidos pelo método de acasalamento compensatório. O fato de se propor o acasalamento entre animais com maiores e menores valores genéticos, pode indicar que teremos acasalamento entre os indivíduos e até mesmo famílias distantes em termos de parentesco, o que resultaria em menores valores de endogamia, menor esgotamento pela fixação de alelos e manteria por mais tempo maior limite de seleção.

No entanto, quando fazendo a mesma comparação utilizando método que propõe acasalamento entre melhores reprodutores, devemos salientar que o método de seleção utilizado é o baseado no BLUP, onde é levada em consideração a família em que o indivíduo pertence, assim, a informação de família tem grande contribuição na obtenção do valor genético. Quando privilegiados o acasalamento entre os melhores indivíduos sem fazer nenhuma restrição quanto a parentesco, a chance de que o acasalamento ocorra entre indivíduos de mesma família é grande. Isso reflete nos valores de endogamia mais elevados, na maior fixação de alelos desfavoráveis e conseqüentemente menores valores fenotípicos e limites de seleção.

Segundo Fernández (2003) o sistema de acasalamento compensatório é mais eficiente em situações com menor endogamia (seleção fenotípica ou população de grande tamanho efetivo) e o de mínima coancestralidade é mais eficiente sob alta endogamia (seleção por BLUP, baixa herdabilidade e população de pequeno tamanho efetivo). Caballero et al. (1996), ao utilizarem dados simulados, concluíram que o acasalamento compensatório foi geralmente mais eficiente na redução da taxa de endogamia nas situações sem extremos valores de endogamia, como na seleção pelo fenótipo, ou populações numerosas (mais de 50 pais). E o autor conclui que, em situações com alta endogamia, como na seleção por BLUP, baixa herdabilidade e reduzido tamanho populacional, os acasalamentos de mínima coancestralidade ou o de evitar acasalamento entre irmãos, foram mais eficientes.

Fazendo uma comparação com os resultados citados acima de Fernández (2003) e Caballero et al. (1996), o presente trabalho utilizou característica de média - alta herdabilidade, o que implica que o BLUP dará menor peso a informação de família e conseqüentemente maior importância a informação do próprio indivíduo, desta forma, o método de acasalamento e se este método restringi ou não acasalamento endogâmicos será determinante se teremos ou não alta endogamia na geração seguinte. Como o método de acasalamento compensatório tende a usar animais mais distantes em valores genéticos, pressupõe, como citado anteriormente, que os animais teriam pouco ou nenhum parentesco, o que implicaria em reduzida endogamia e menores perdas por depressão endogâmica.

4 - Conclusão

Em populações selecionadas utilizando BLUP, o acasalamento compensatório mostrou ser uma ferramenta eficaz no controle de endogamia a longo prazo.

5 - Referências Bibliográficas

- BRISBANE, J.R.; GIBSON, J.P. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. *Theoretical and Applied Genetics*. 91: 421-431, 1995.
- CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M. A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. *Animal Science*, v. 62, p. 431-442, 1996.
- CARNEIRO, P. L. S. Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CROW, J. F.; KIMURA, M. *An Introduction to Population Genetics Theory*. New York: Harper and Row, 1970.
- CUNHA, E. E. Avaliação de tipos de acasalamentos em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 104 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- EISEN, E. J. Conclusions from long-term selection experiments with mice. *Journal Series of the North Carolina Agricultural Research Service*. Raleigh, N. C. USA, p. 305-319, 1980.
- EUCLYDES, R.F. Uso do sistema para simulação GENESYS na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: UFV, 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).
- FALCONER, D. S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa, MG: UFV, 2. impressão, 1987. 279p.
- FALCONER, D.S. *Introducion to Quantitative Genetics*. 3rd edition, New York, Logman Scientific & Technical, 438p, 1989.

- FARIA, F. J. C. et al. Intervalo de gerações e tamanho efetivo da população na raça Nelore. Anais da 38ª Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2001.
- FERNÁNDEZ, J. Equilibrio respuesta consagunidad. In. XIII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, Espanha 2003. 55p.
- GODDARD, M.G., SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. Journal of Dairy Science, v. 73, p. 1113-1122, 1990.
- MEUWISSEN, T. H. E., WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theoretical and Applied Genetics, v. 89, p. 1019-1026, 1994.
- MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genetic, Selection and Evolution, v. 24, p. 305-313, 1992.
- QUINTON, M., SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. Journal of Animal Science, v. 73, n. 8, p.2208-2212, 1995.
- SIEGEL, P. B., DUNNINGTON, E. A. Genetic selection strategies-population genetics. Poultry Science. V. 76, p. 1062-1065, 1997.
- VERRIER, E., COLLEAU, J. J., FOULLEY, J. L. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. Theoretical and Applied Genetic, Berlin, v. 87, p. 446-454, 1993.
- WRIGHT, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurement of inbreeding and relationship. J. Heedity, v.14, p.339-348, 1923.
- WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. Sci., v.87, p. 430-431, 1938.

Capítulo 2

**Aumento no número de machos selecionados como
ferramenta de controle de endogamia**

1 - Introdução

Principalmente por motivos econômicos, é muito comum utilizarmos diferentes números de machos e fêmeas como reprodutores em sistemas de produção animal. Em uma população idealizada, todos os pais têm igual chance de deixar descendentes, que se tornarão os pais da próxima geração, e diferenças nas contribuições dos pais devem-se exclusivamente à amostragem. Em populações reais, contudo, os pais podem ter diferentes probabilidades de contribuir para a descendência, devido às diferenças em sua fertilidade e na viabilidade de seus filhos ou, mesmo, por causa de imposições dos criadores, como num processo de seleção.

Assim, os pais terão suas contribuições variadas mais que o esperado de acordo com a chance. Como resultado, a variância do número de descendência contribuída por pai será geralmente maior que na população idealizada, e o tamanho efetivo da população será menor que o número de indivíduos reprodutores (CABALLERO, 1994).

Segundo Wright (1938), a oscilação do N_e pode ser atribuída a fatores como desvios da razão de sexos de 1:1, flutuações no tamanho da população e diferenças no sucesso reprodutivo. Quando reprodutores são acasalados com várias fêmeas, a redução no tamanho efetivo da população é proporcional ao aumento na relação fêmea: macho. O tamanho efetivo da população é afetado pela geração com menor número de animais. A diferença entre o número de filhos que um reprodutor deixa afeta o tamanho efetivo da população.

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

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

Brisdane e Gibson (1995), avaliando diferentes estratégias de seleção compararam diferentes tamanhos populacionais e razões sexuais, destacando que na determinação da razão sexual adotada deve-se ponderar os interesses quanto a intensidade de seleção e a endogamia. Os autores observaram que a utilização de um número elevado de matrizes (128) com o mesmo número de reprodutores (8) proporcionou níveis de endogamia similares com os apresentados na população com 64 matrizes, indicando que sob as condições avaliadas, o aumento do número de matrizes não foi eficiente na redução da endogamia.

A realização deste trabalho teve como objetivo avaliar o aumento no número de machos selecionados como ferramenta para controlar incremento de endogamia.

2 - Metodologia

2.1 Simulações dos dados

Para realização deste trabalho, foram simulados dados utilizando o sistema computacional GENESYS 2010, uma versão atualizada (EUCLYDES, 1996). O programa GENESYS permite a criação do genoma dos animais, sendo possível definir, para determinada característica, o número de locos e alelos envolvidos, número de efeitos fixos, bem como a herdabilidade, a média e a variância genética, além da média e da variância dos efeitos fixos. E o valor fenotípico dos animais é o resultado da soma dos efeitos aditivos dos genes, dos efeitos fixos considerados mais o efeito aleatório relativo ao ambiente.

Depois de simulado o genoma com as especificações desejadas, são gerados os animais da população-base por meio da combinação aleatória dos cromossomos e dos alelos simulados. Então, os animais da população-base são acasalados para gerar a população-inicial, que pode ser multiplicada por várias gerações sob diferentes métodos de seleção ou acasalamento ao acaso, permitindo os mais diversos tipos de estudo.

Durante os acasalamentos, todas as fases do processo reprodutivo são consideradas, incluindo a gametogênese, a zigotogênese e a recombinação gênica. Todas estas características do Genesys tornam os dados simulados muito próximos dos dados obtidos em populações reais.

2.2 Simulação do genoma

Neste trabalho, foi simulado um genoma de 958 centimorgans de comprimento, considerando uma característica cuja expressão era determinada por 200 locos com dois alelos por loco distribuídos em 40 cromossomos. As frequências iniciais dos alelos foram simuladas com

base na distribuição uniforme e tiveram valor inicial médio de 0,50. Os locos foram distribuídos ao acaso em quarenta pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios. Os alelos possuíam apenas efeitos aditivos, sendo desconsiderados os desvios de dominância e as interações epistáticas. Admitiu-se o efeito de sexo. Os efeitos não controlados de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal.

Estudou-se apenas uma característica quantitativa (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3 kg e desvio-padrão fenotípico de 0,3 kg e com herdabilidade (h^2) igual a 0,30.

2.3 Simulações das populações

2.3.1 População base

Foi simulada uma população-base constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). Na obtenção dos animais da população base, foram simulados os gametas (espermatozóides e óvulos), para a formação dos zigotos. Como os processos utilizados foram inteiramente aleatórios, desde a simulação dos gametas, pareamento, formação dos zigotos, considerou-se a inexistência de parentesco entre os indivíduos nesta população, uma vez que os gametas foram produzidos ao acaso e não como resultado de segregações mendelianas.

O sexo dos indivíduos foi definido pela simulação de um número aleatório, uniformemente distribuído e dentro do intervalo de 0 a 1, sendo considerado macho o indivíduo que estivesse no intervalo de 0 a 0,5 e fêmea, para os valores simulados entre 0,5 a 1.

2.3.2 População inicial

A partir da população base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 20 machos e 200 fêmeas, produzindo 8 descendentes por

acasalamento, gerando 1.600 indivíduos. O parentesco entre os indivíduos foram gerados a partir da população inicial. Esta estrutura de população era configurada com um tamanho efetivo de população de 72,72 associado a uma relação macho/fêmea de 1:10.

2.4 Populações submetidas à seleção

Depois de formada a população inicial, teve início à formação das populações de seleção.

A seleção foi praticada utilizando-se os valores genéticos preditos pelo BLUP (melhor preditor linear não viesado), com o uso do modelo animal. Foram consideradas as informações de pedigree das três últimas gerações. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A seleção foi conduzida por 50 gerações, sendo que o processo de simulação por geração foi repetido 20 vezes, a fim de reduzir os efeitos de flutuação genética (CARNEIRO, 2002).

No intuito de testar o efeito na endogamia do aumento do número de machos selecionados como reprodutores, foram simulados dois cenários:

20 machos - A cada geração eram selecionados 20 machos e 200 fêmeas, e do acasalamento entre estes, eram gerados 8 filhos por cruzamento. Assim, o tamanho efetivo de população era 72,72 associado a uma relação macho/fêmea de 1:10 e intensidade de seleção de machos de 2,5%.

40 machos - A cada geração eram selecionados 40 machos e 200 fêmeas, e do acasalamento entre estes, eram gerados 8 filhos por cruzamento. Assim, o tamanho efetivo de população era 133,33

associado a uma relação macho/fêmea de 1:5 e intensidade de seleção de machos de 5%.

2.5 Métodos de Acasalamentos

Foi testado o efeito do aumento no número de machos selecionados em cada método de acasalamento citado abaixo:

- Acasalamento ao acaso (aaa) - A chance de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à frequência desse genótipo na população.

- Acasalamento com exclusão de irmãos completos (IC) e meio-irmãos (MI) – Acasalamento realizado com objetivo de redução de endogamia, já que não há sobreposição de gerações, não tivemos acasalamentos entre pais e filhos, logo o acasalamento que poderia resultar em maior endogamia seria de irmãos completos e meio-irmãos.

- Acasalamento de Melhores com Melhores – A intenção deste tipo de acasalamento é fazer com que melhores machos se acasalem com melhores fêmeas, sem levar em consideração nenhum tipo de restrição quanto a endogamia gerada.

- Acasalamento de Melhores com Piores (Acasalamento Compensatório) – A intenção deste tipo de acasalamento é fazer com que melhores machos se acasalem com piores fêmeas ou vice-versa, desta forma teríamos um tipo de compensação associado a uma reduzida endogamia, já que pressupomos que se existe grande diferença no valor genético dos indivíduos acasalados, também existirá distância em termo de parentesco.

Na figura 01 esta de forma resumida a metodologia passo a passo do processo de simulação utilizando o Genesys.

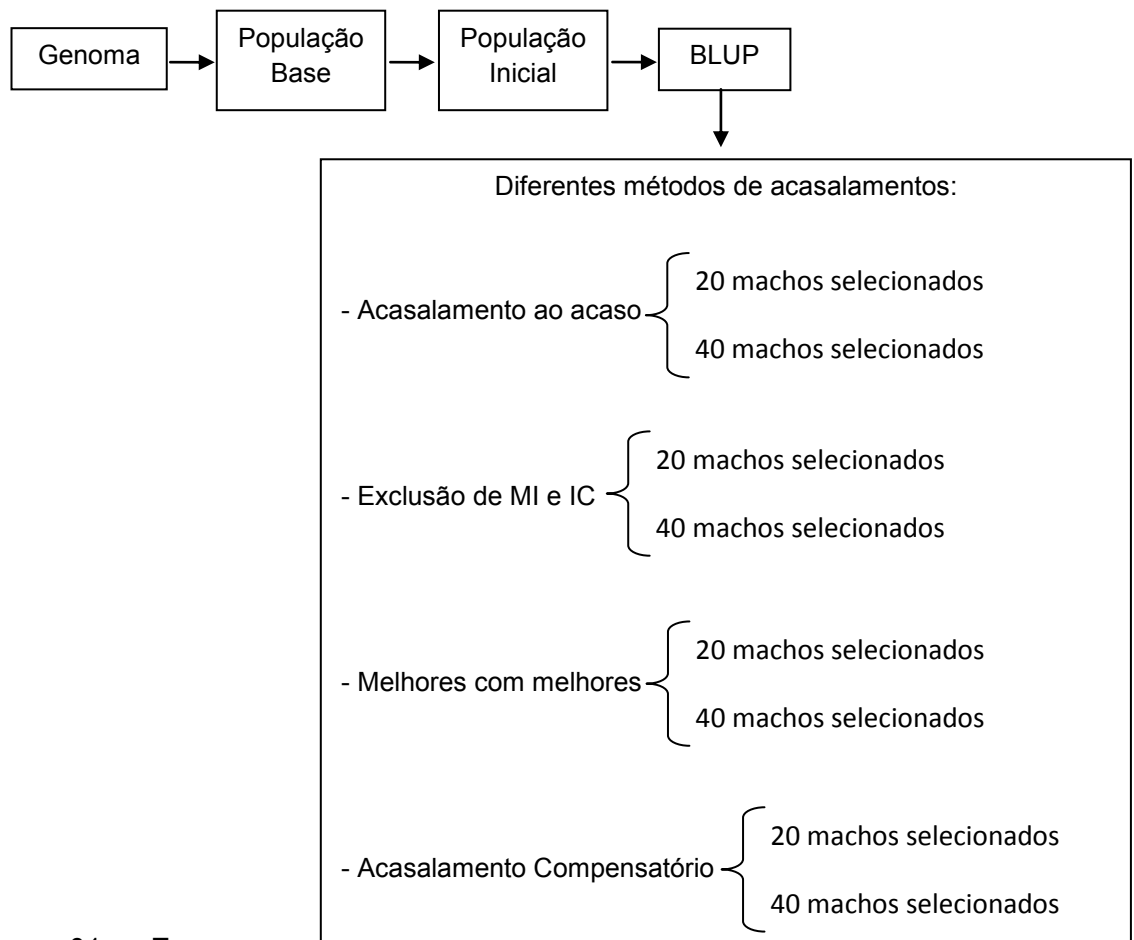


Figura 01 – Esquema com sequência de simulação realizada pelo software Genesys.

2.6 Parâmetros avaliados

Os tipos de acasalamento foram comparados por meio da avaliação dos seguintes parâmetros, no decorrer das gerações: valor fenotípico médio, endogamia média, endogamia máxima, perdas por fixação de alelos desfavoráveis, fixação de alelos favoráveis e limite da seleção.

2.6.1 Valor fenotípico Médio

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

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

$$\bar{P} = \frac{\sum_{i=1}^n P_i}{n},$$

Em que n é o número total de indivíduos na população, a cada geração.

2.6.2 Endogamia média e máxima

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

2.6.3 Perdas por fixação de alelos desfavoráveis

Calculou-se a percentagem de *loci* com alelos desfavoráveis fixados, considerada perda genética permanente, em função do número total de loci quantitativos para a característica em estudo.

2.6.4 Limite da seleção

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

3 - Resultados e Discussão

3.1 Valor Fenotípico

Os resultados de valor fenotípico, para seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de diferentes números de machos selecionados podem ser visualizados nas figuras 2, 3, 4 e 5.

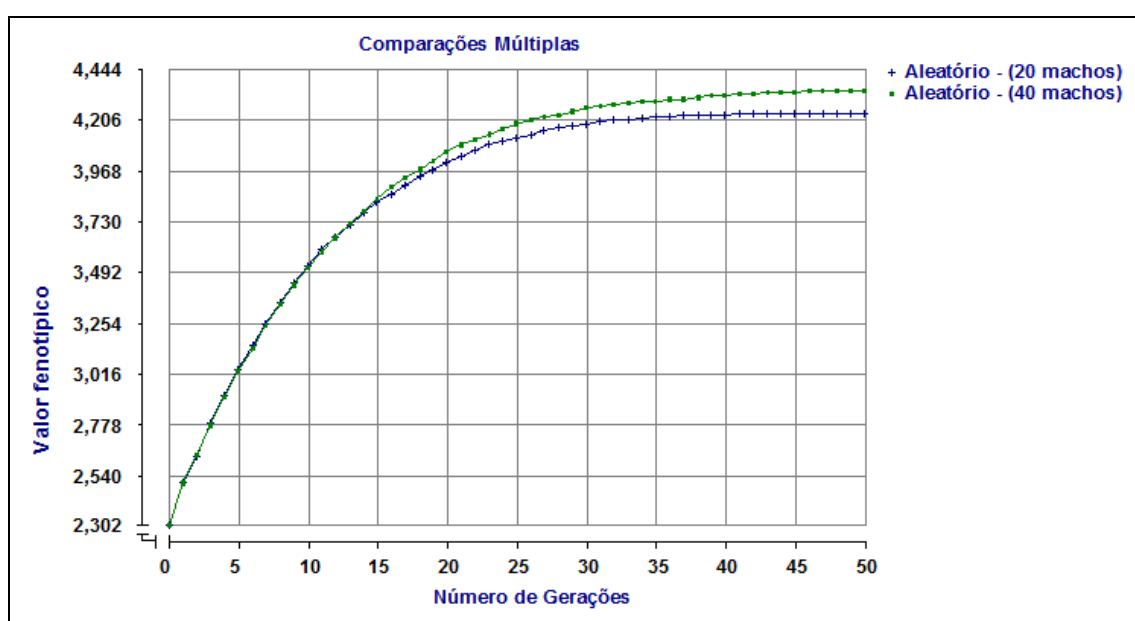


Figura 02 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

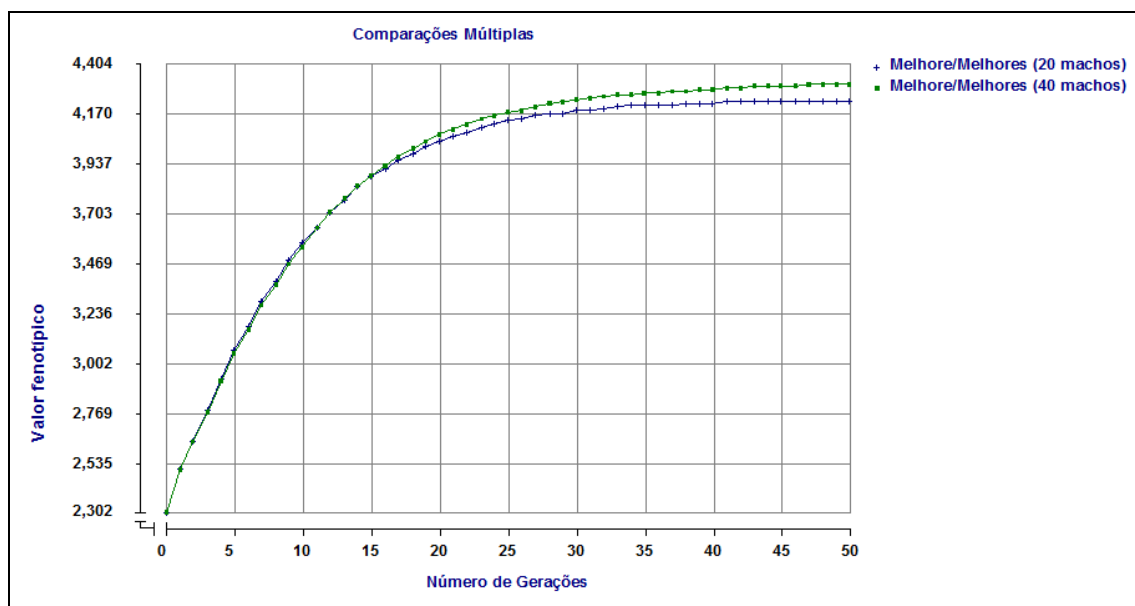


Figura 03 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento entre melhores reprodutores, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

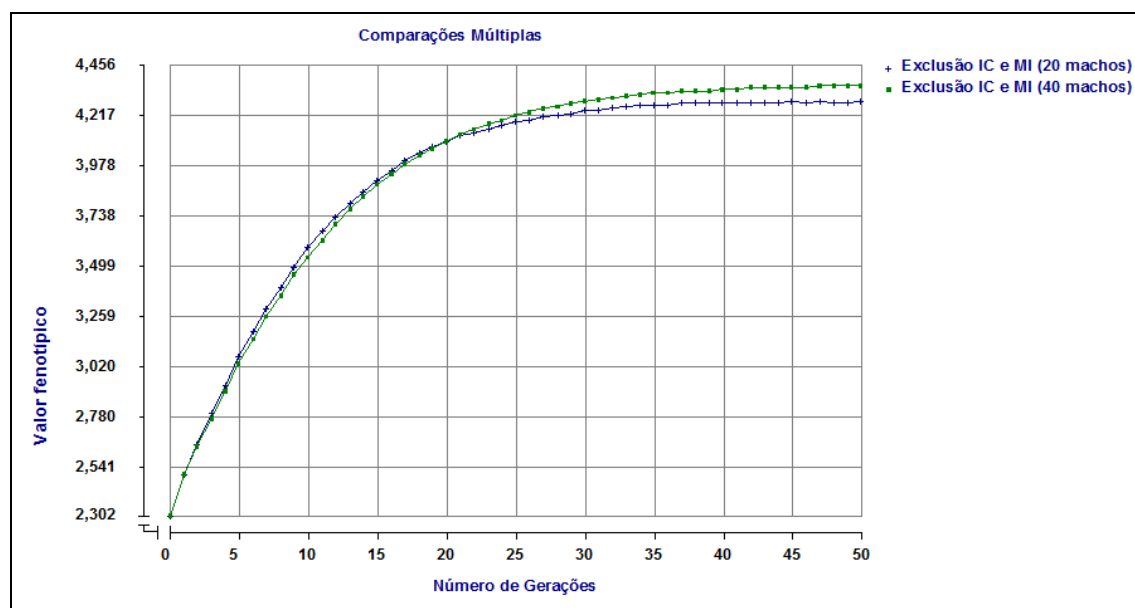


Figura 04 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento com exclusão de IC e MI, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

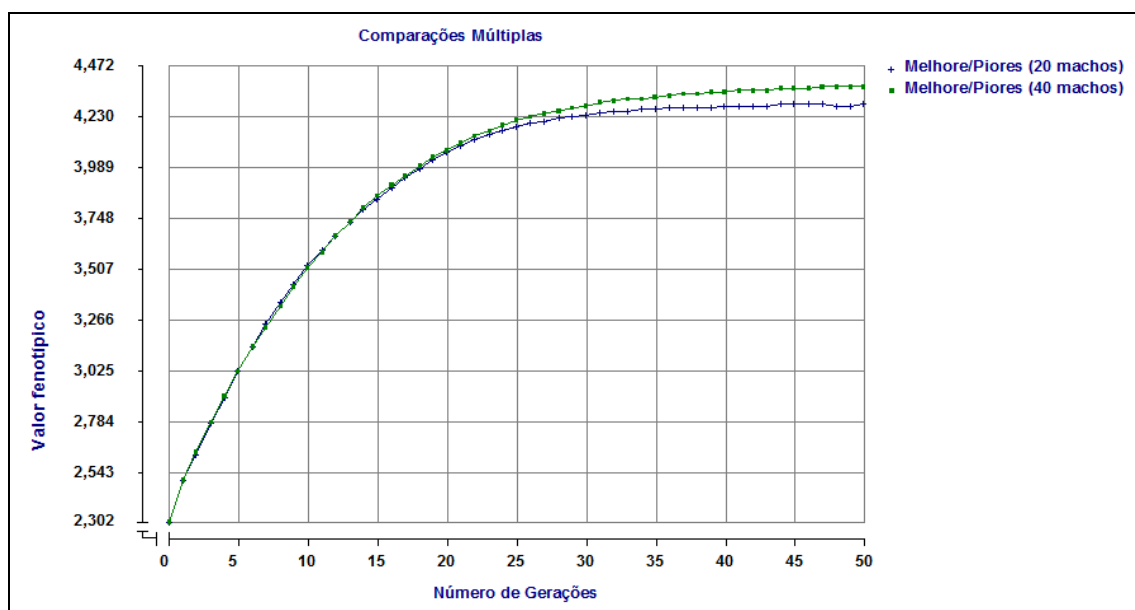


Figura 05 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

Como era esperado, houve aumento no valor fenotípico em todos os casos, pois utilizando seleção artificial, ao se escolher os melhores indivíduos a cada geração, é proporcionado um diferencial de seleção cumulativo.

O aumento no número de machos selecionados de 20 para 40 com conseqüente redução na intensidade de seleção e aumento no tamanho efetivo de população proporcionou efeito favorável em longo prazo. Em todos os sistemas de acasalamentos propostos a utilização de 40 machos ao invés de 20 resultou no aumento no valor fenotípico a partir de determinada geração. A redução no ganho genético provocada pela redução na intensidade de seleção foi compensada pela menor perda provocada pelo controle da endogamia.

Nos métodos de acasalamentos que não controlam o incremento de endogamia, como o aleatório e o acasalamento entre melhores

reprodutores, o comportamento da curva do valor fenotípico foi parecido. O uso de 40 machos teve resposta melhor por volta da 15ª geração.

Nos métodos de acasalamentos que controlam o incremento de endogamia, como o compensatório e o que exclui acasalamento entre MI e IC, o comportamento da curva do valor fenotípico também foi parecido. No entanto o uso de 40 machos teve resposta superior mais tardiamente, por volta da 20ª geração, sendo que utilizando método que exclui acasalamentos entre MI e IC, o uso de apenas 20 machos foi superior ao uso de 40 em curto prazo.

No caso do método que exclui acasalamentos entre IC e MI, o uso de 20 machos foi superior em curto prazo devido a uma maior intensidade de seleção nos machos, associado a um método de acasalamento que controla endogamia. Nas gerações iniciais, a população não sentiu efeitos negativos da endogamia, no entanto, com o passar das gerações, houve incremento de endogamia, e o menor incremento de endogamia obtido pelo aumento do tamanho efetivo provocado pelo uso de 40 machos compensou a perda de ganho genético provocada pela redução na intensidade de seleção.

Quando utilizamos acasalamentos compensatórios, devemos levar em consideração que, o aumento no número de machos, também afeta o desvio entre o melhor e o pior macho. E isso pode gerar respostas diferentes em cada população, dependendo da variabilidade.

Os resultados apresentados são semelhantes a alguns trabalhos, como os obtidos por WEBER (1989), que, ao estudar respostas à seleção individual, em longo prazo, em *Drosophila melanogaster*, encontrou melhores resultados ao longo das gerações e, então, maiores valores de platôs, quando as características foram selecionadas em populações de tamanhos efetivos maiores.

Kownacki (1979), citado por EISEN (1980), também encontrou, em estudo com ratos, taxa aumentada de resposta à seleção com relação à

característica ganho de peso pós-desmama em maiores valores de tamanho efetivo (N_e), no decorrer de 16 gerações de seleção.

3.2 Porcentagem de animais endogâmicos

A porcentagem de animais endogâmicos para seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de diferentes números de machos selecionados podem ser visualizados nas figuras 6, 7, 8 e 9.

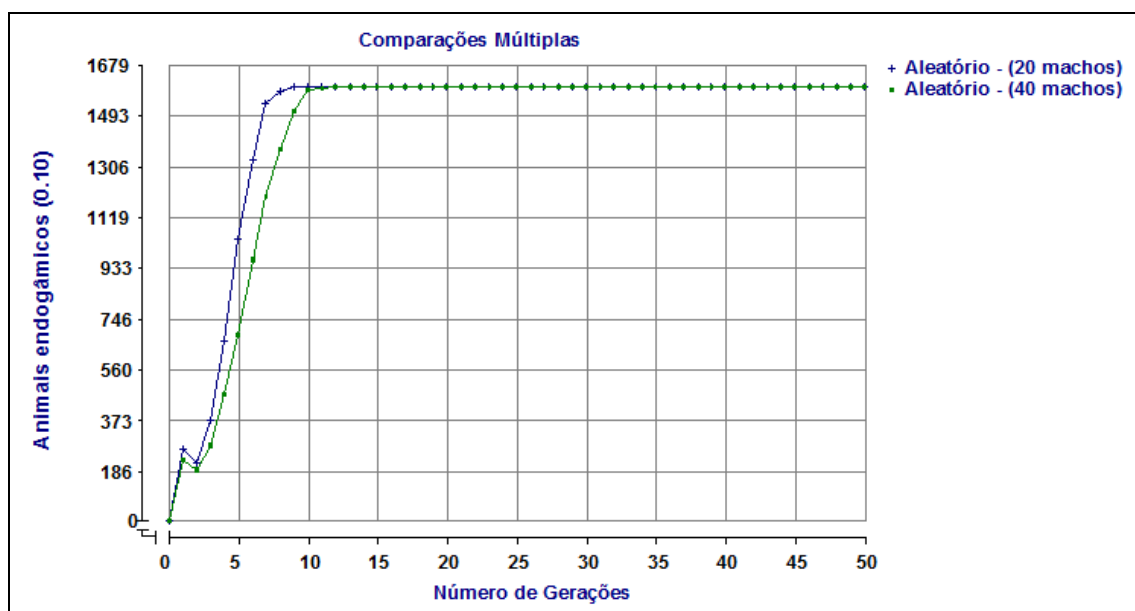


Figura 06 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento aleatório em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

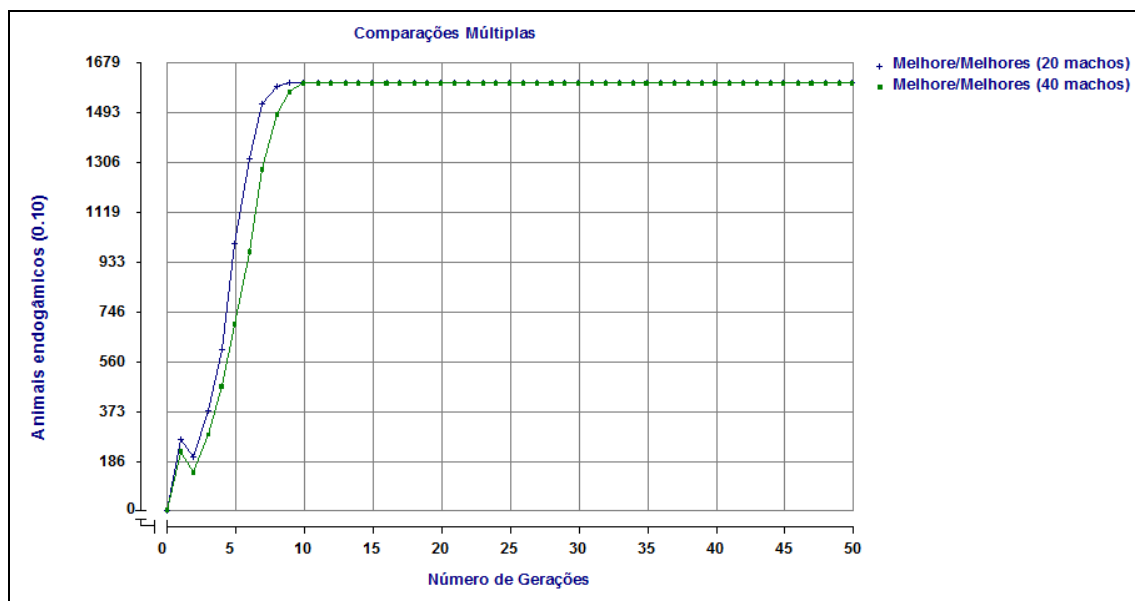


Figura 07 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento entre melhores reprodutores em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

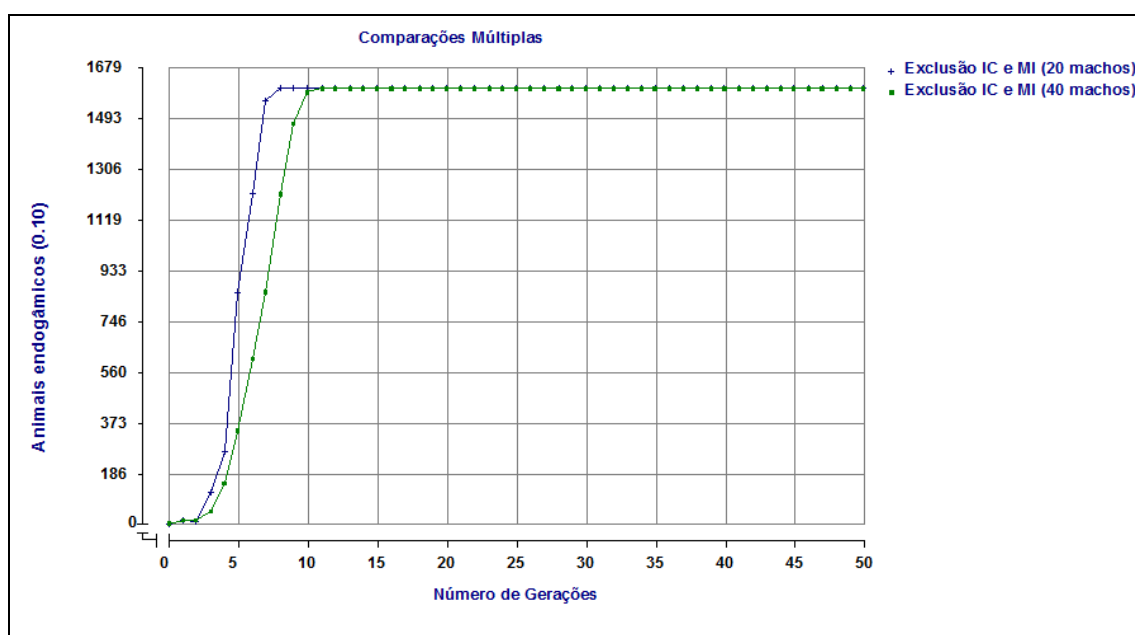


Figura 08 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre IC e MI, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

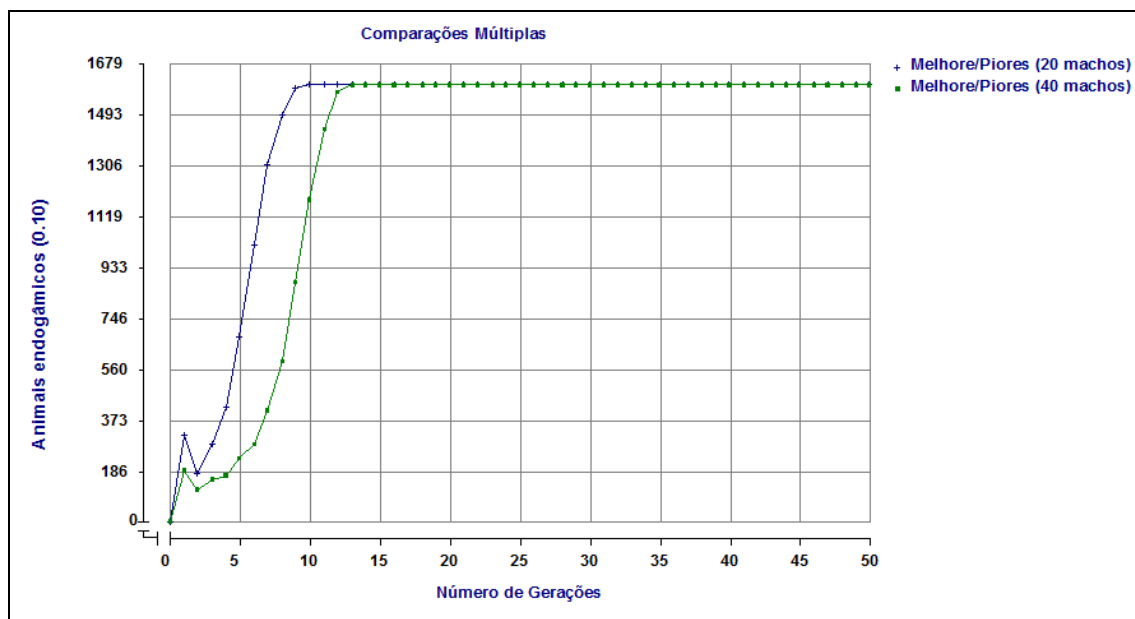


Figura 09 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

Os métodos de seleção que utilizaram 20 ou 40 machos, associados aos métodos de acasalamentos propostos, conduziram ao aumento na quantidade de animais endogâmicos. No entanto os tratamentos foram diferentes em qual geração o 100% de animais endogâmicos foi atingido.

Em todos os acasalamentos propostos, o uso de 40 machos ao invés de 20 retardou o ponto onde todos os animais da população eram endogâmicos. Nos métodos de acasalamento aleatório, entre melhores reprodutores e com exclusão de IC e MI, o uso de 40 machos fez com que por volta da 10ª geração, todos os animais fossem endogâmicos. O uso de 20 machos fez com que o patamar de 100% de animais endogâmicos foi mais cedo, por volta da 8ª geração.

No entanto, quando se utilizou o método de acasalamento compensatório, a população chegou ao patamar de 100% de animais

endogâmicos por volta da 13ª geração quando utilizou 40 machos e 10ª geração quando utilizou 20 machos.

3.3 Endogamia Média e Máxima

A média de endogamia por geração e a endogamia máxima obtida em seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de diferentes números de machos selecionados podem ser visualizados nas figuras 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, e 17.

No decorrer das gerações de seleção, foram observados, de modo geral, aumentos não-lineares nos valores de endogamia, em todas as razões sexuais e em todos os tipos de acasalamento, o que conduziu a valores bastante elevados nas últimas gerações.

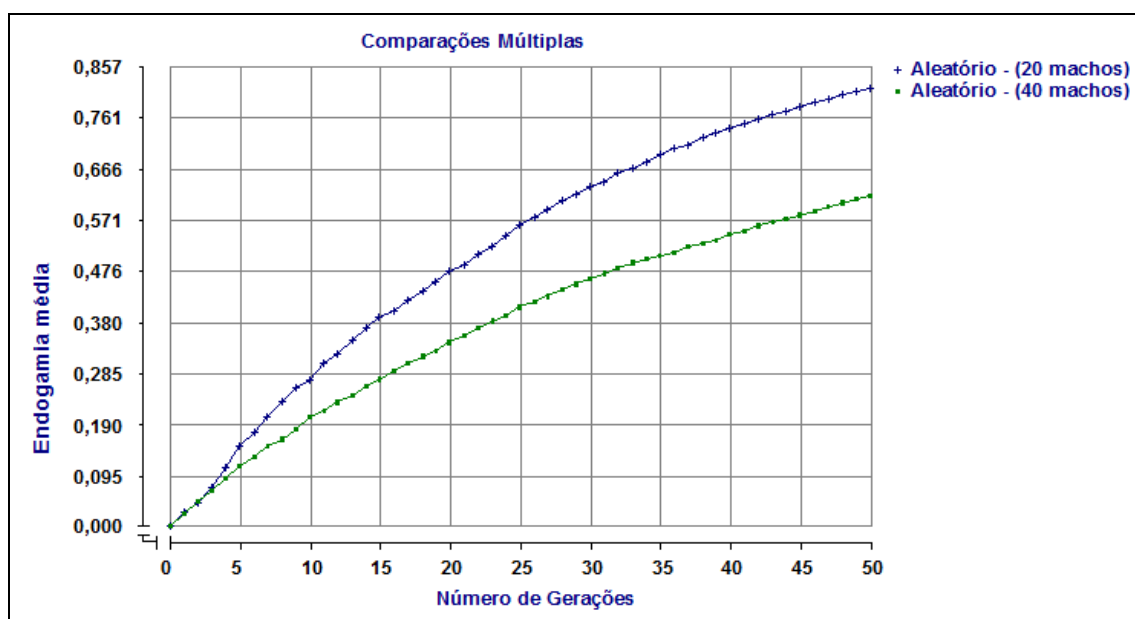


Figura 10 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento aleatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

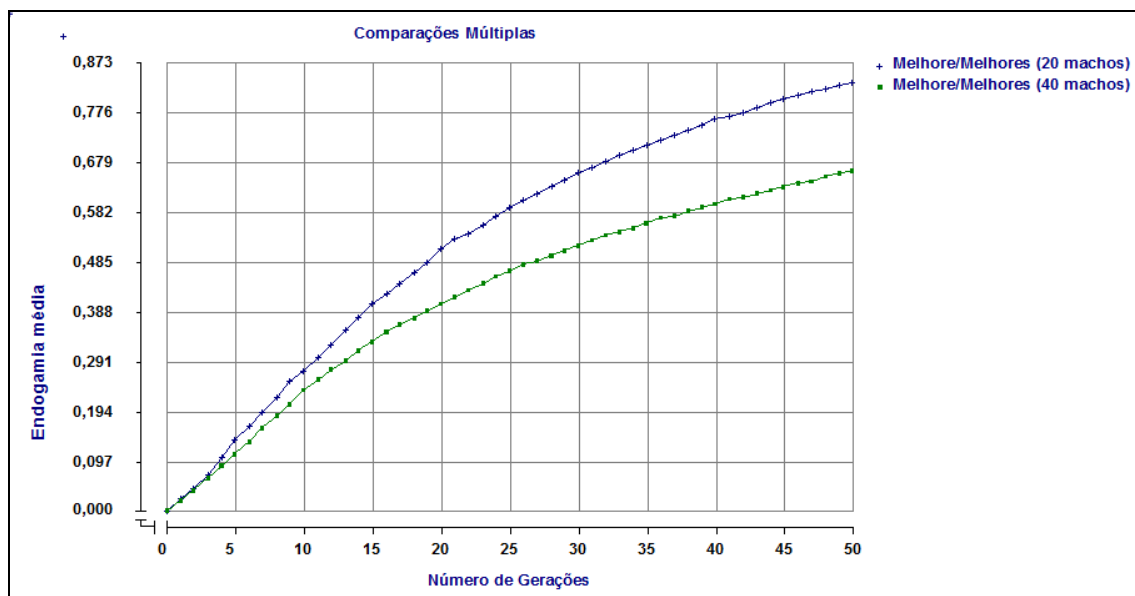


Figura 11 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento entre melhores reprodutores, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações

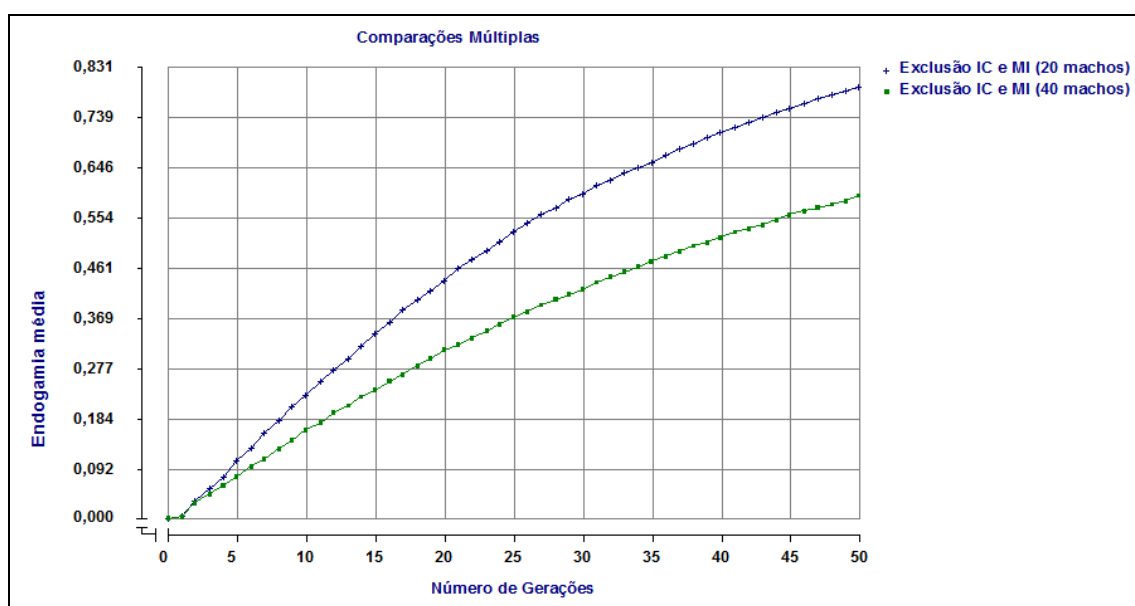


Figura 12 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

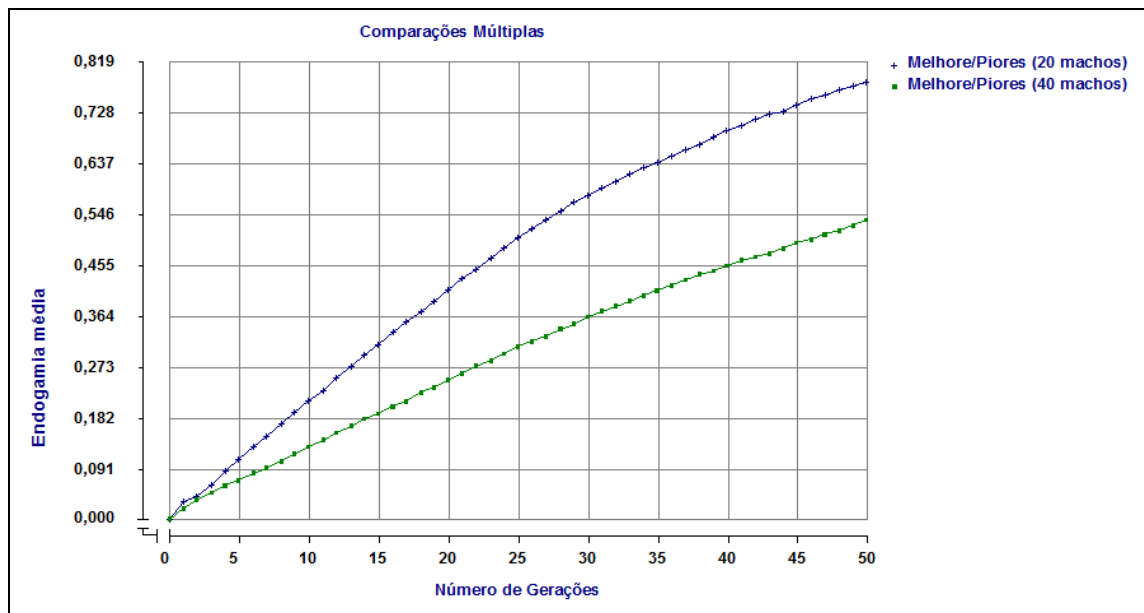


Figura 13 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

O método que exclui acasalamentos entre MI e IC e acasalamento compensatório conseguiram reduzir os incrementos de endogamia. A redução foi mais acentuada quando associado a redução na relação fêmea:machos e aumento no tamanho efetivo de população.

Em todas as formas de acasalamento a redução na relação fêmea:machos proporcionou redução no incremento de endogamia. Ou seja, independentemente da forma de acasalamento, o fato de se aumentar o número de machos proporciona impacto direto no coeficiente de consanguinidade, sendo uma opção para populações endogâmicas.

Segundo Robertson (1960), citado por MUIR (1997), existe uma relação antagônica entre intensidade de seleção e tamanho efetivo de população, o que influencia a endogamia e, conseqüentemente, a resposta à seleção. Nesse sentido, EISEN (1980) ressaltou a vantagem de um tamanho efetivo de população (N_e) maior, principalmente, quando os efeitos de dominância são importantes.

Os valores de endogamia máximos alcançados a cada geração seguiram a tendência dos resultados de endogamia média (figuras 15, 16, 17 e 18). A associação de acasalamentos que reduzem o incremento de endogamia (exclusão de MI e IC e acasalamentos compensatórios) associados a redução na relação fêmea:machos foi o de melhor resultado.

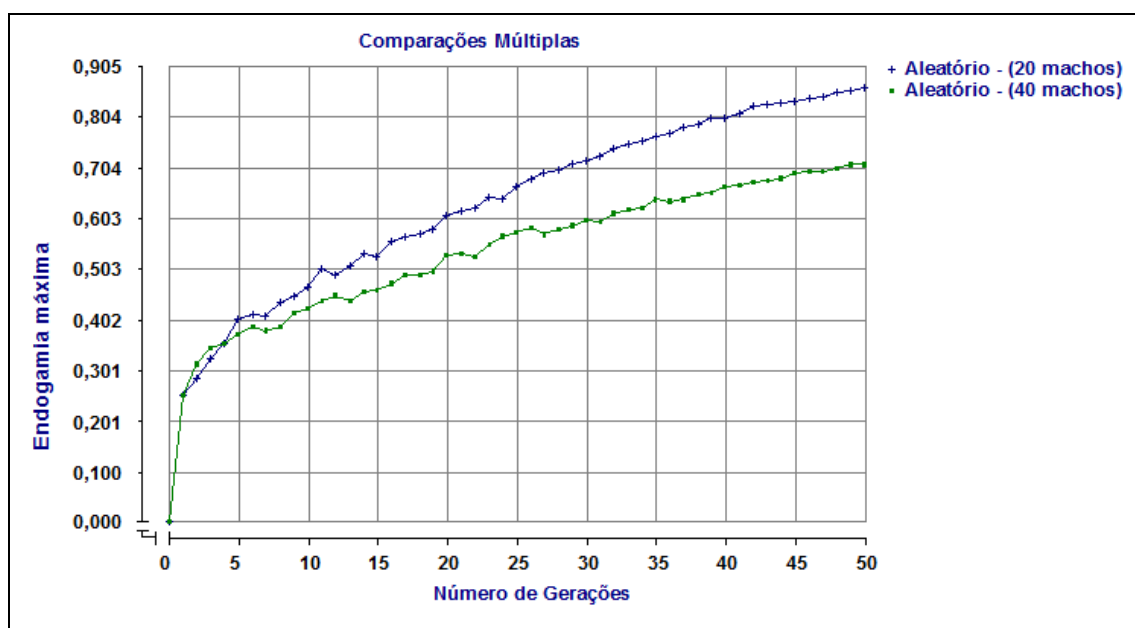


Figura 14 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento aleatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

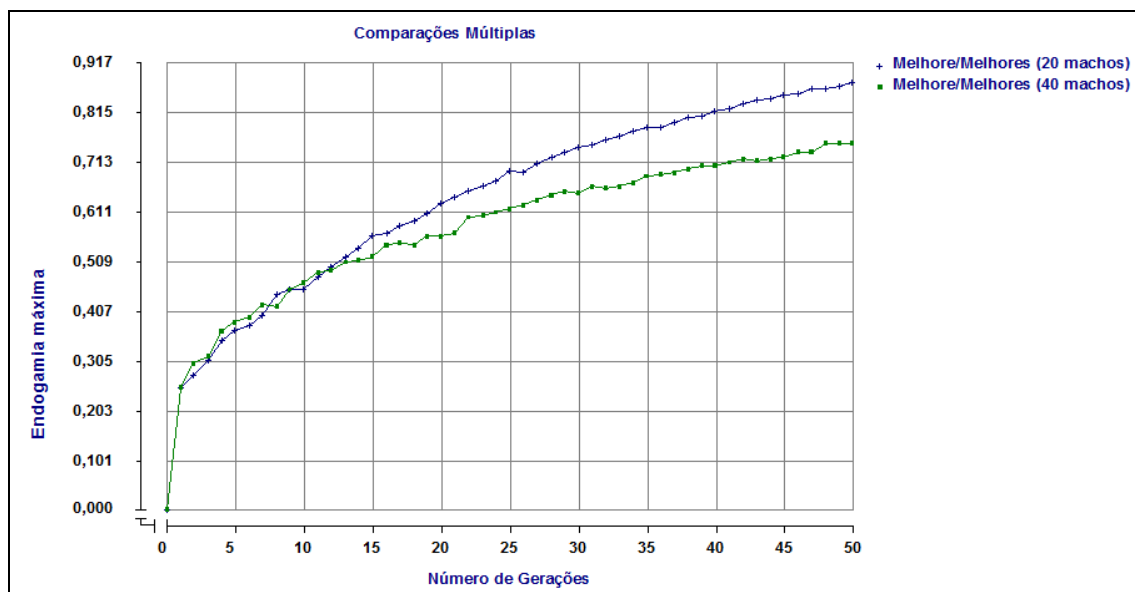


Figura 15 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento entre melhores reprodutores, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

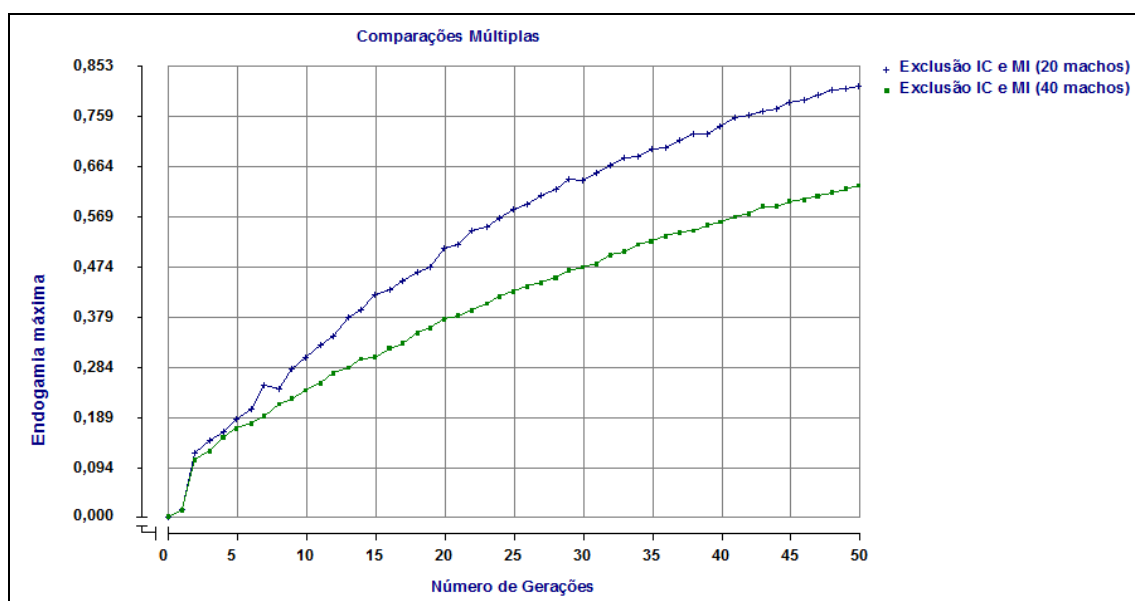


Figura 16 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

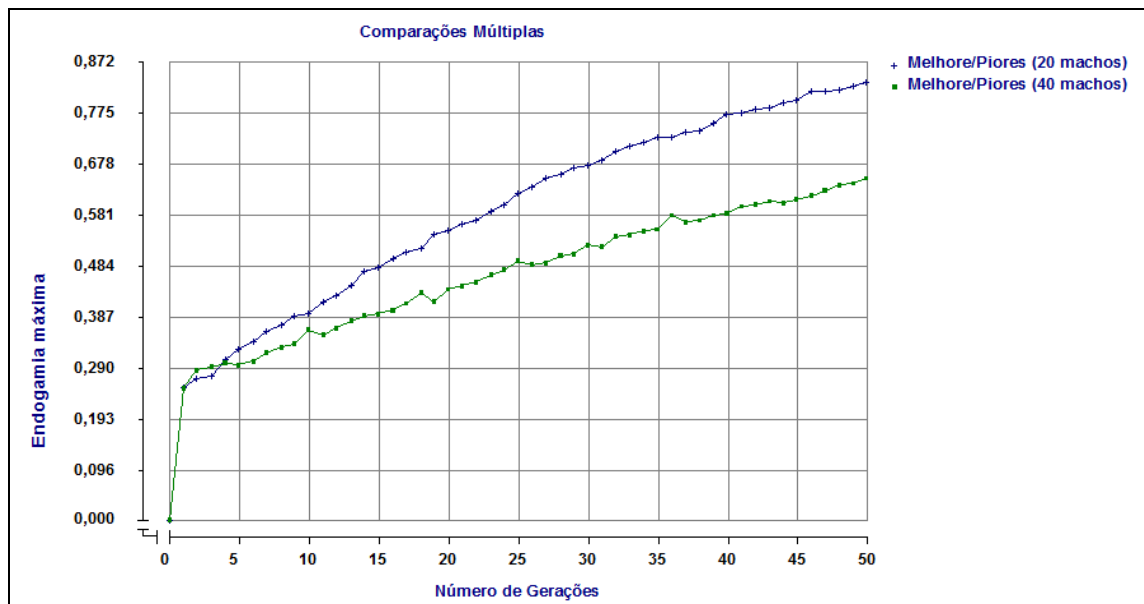


Figura 17 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

3.4 Limites de seleção

O limite de seleção em populações sob seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de diferentes números de machos selecionados podem ser visualizados nas figuras 18, 19, 20 e 21.

Decréscimos não-lineares foram observados, ao longo das gerações, em todos os tipos de acasalamento, em todos os valores de razão sexual.

Segundo FALCONER (1987), não se espera respostas à seleção indefinidamente. Pois após determinado número de gerações, todos os alelos favoráveis, que estejam segregando, serão fixados. Assim a medida que os alelos favoráveis se aproximarem da fixação, haverá

redução na resposta à seleção, de maneira que, ao cessar a resposta, a população é dita estar no limite da seleção.

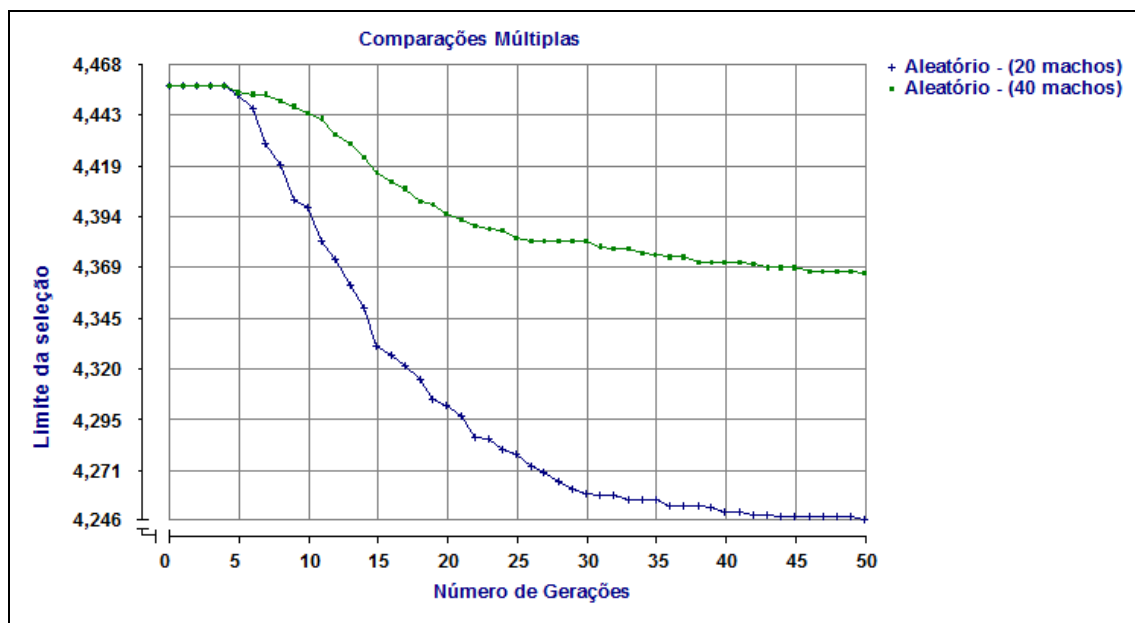


Figura 18 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento aleatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

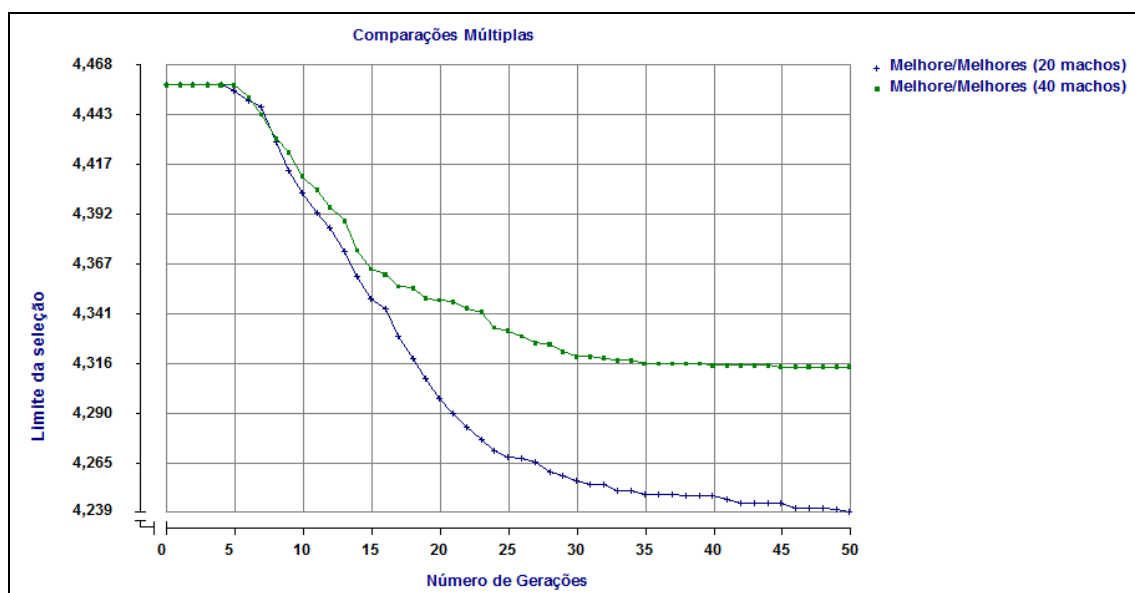


Figura 19 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento entre melhores reprodutores, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

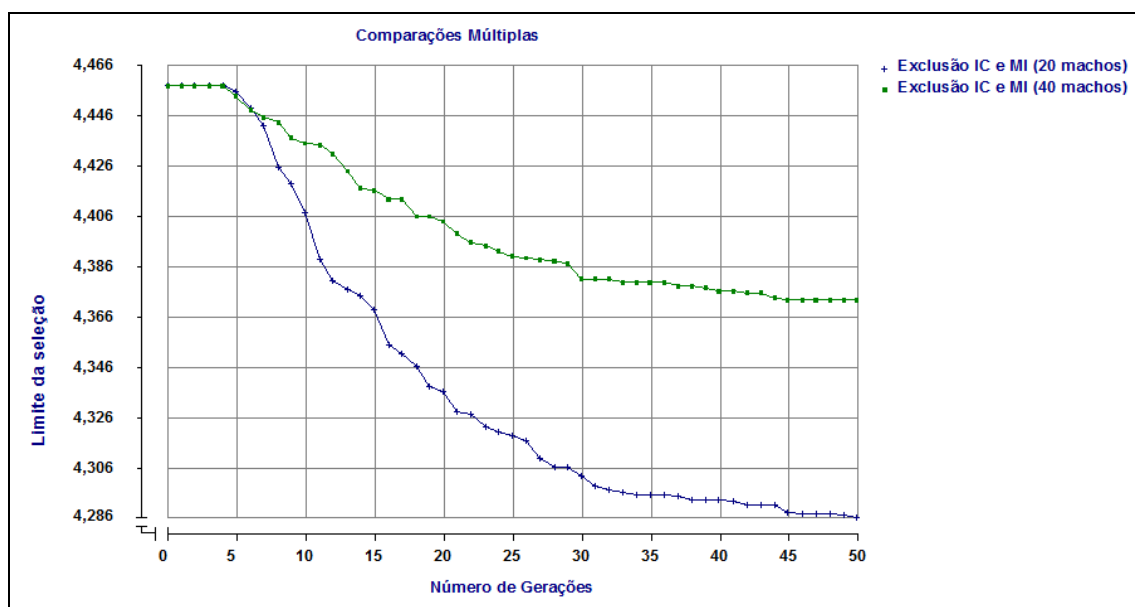


Figura 20 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

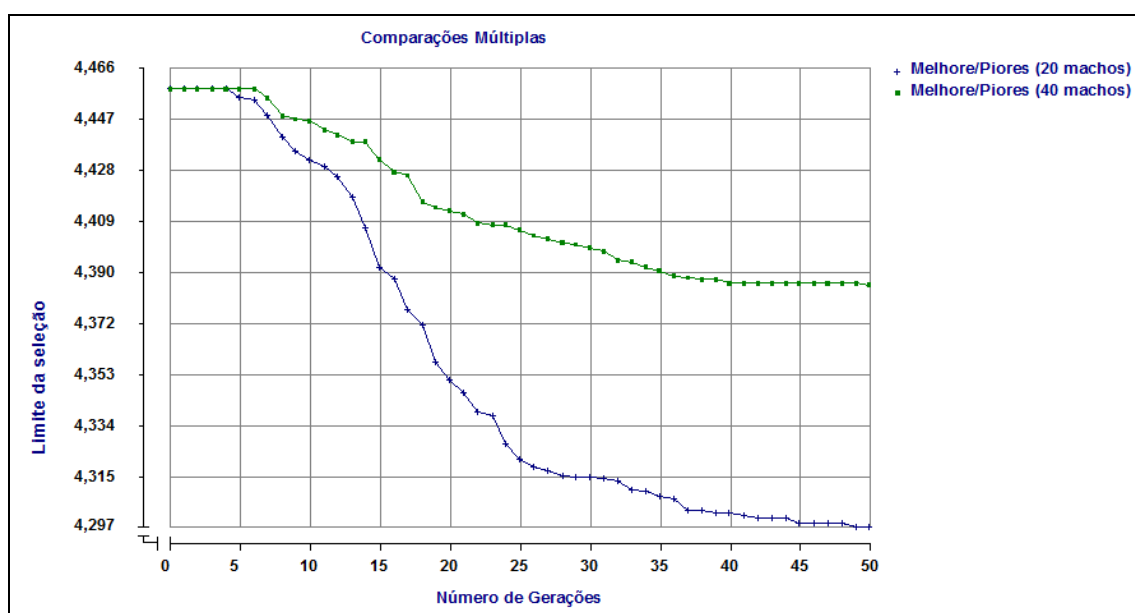


Figura 21 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

Em todas as formas de acasalamento e razões sexuais as quedas nos limites de seleção se deram a partir da 5ª geração. Sendo que o uso de acasalamento compensatório, associado ao uso de maior número de machos, foi o cenário que apresentou maiores limites de seleção ao longo das 50 gerações.

Os resultados estão semelhantes ao que Cunha (2001) encontrou quando simulou diferentes formas de acasalamentos associados a diferentes razões sexuais. A autora ressalta que os métodos de acasalamentos que restringem aumento no incremento de endogamia associados a maiores razões macho:fêmeas tem menor impacto na redução dos limites de seleção.

3.5 Perdas por fixação de alelos desfavoráveis

As perdas por fixação de alelos desfavoráveis em percentagem em populações sob seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de diferentes números de machos selecionados podem ser visualizados nas figuras 22, 23, 24 e 25.

Assim como aconteceu com os resultados anteriores, ocorreram aumentos nas taxas de perdas de variabilidade genética causadas pela fixação, em todos os tipos de acasalamento, ao longo das gerações, em todas as razões sexuais estudadas.

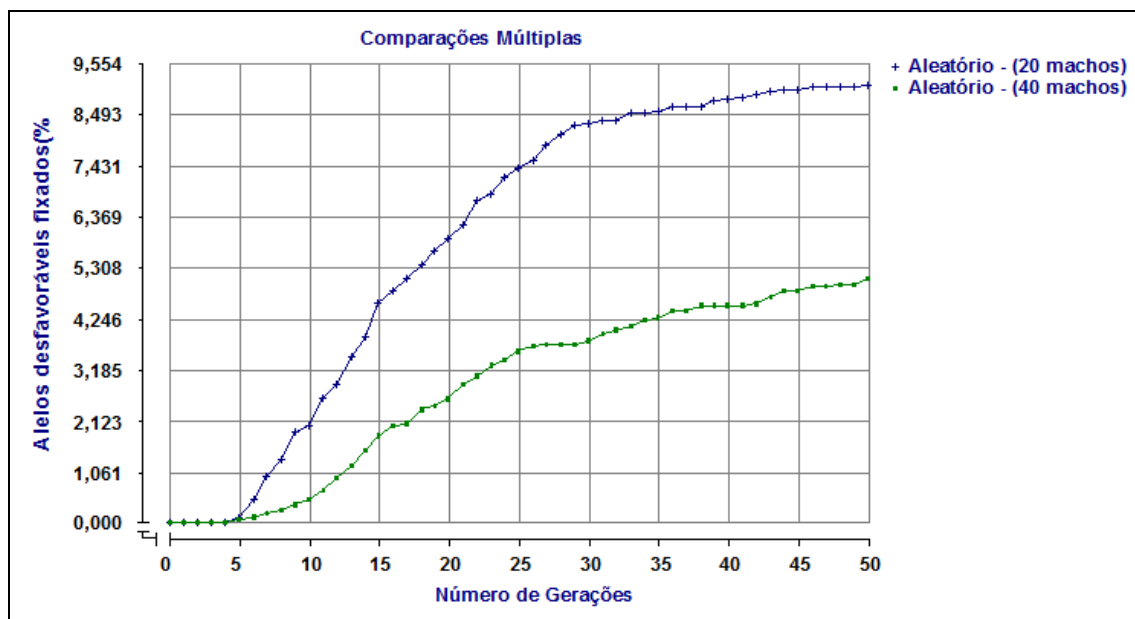


Figura 22 – Perdas por fixação de alelos desfavoráveis obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento aleatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

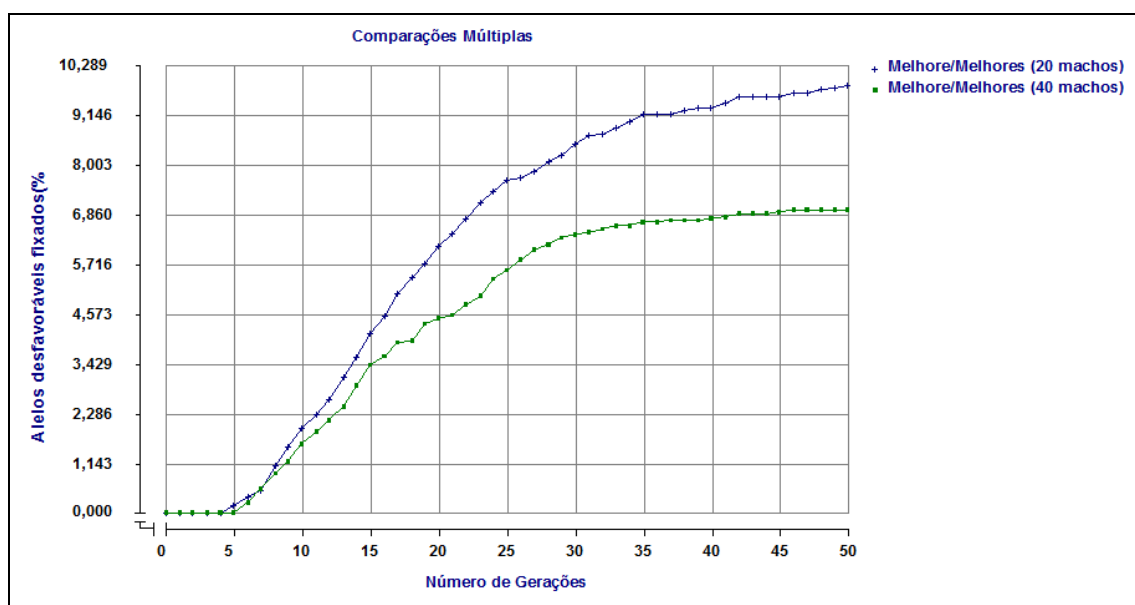


Figura 23 – Perdas por fixação de alelos desfavoráveis obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento entre melhores reprodutores, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

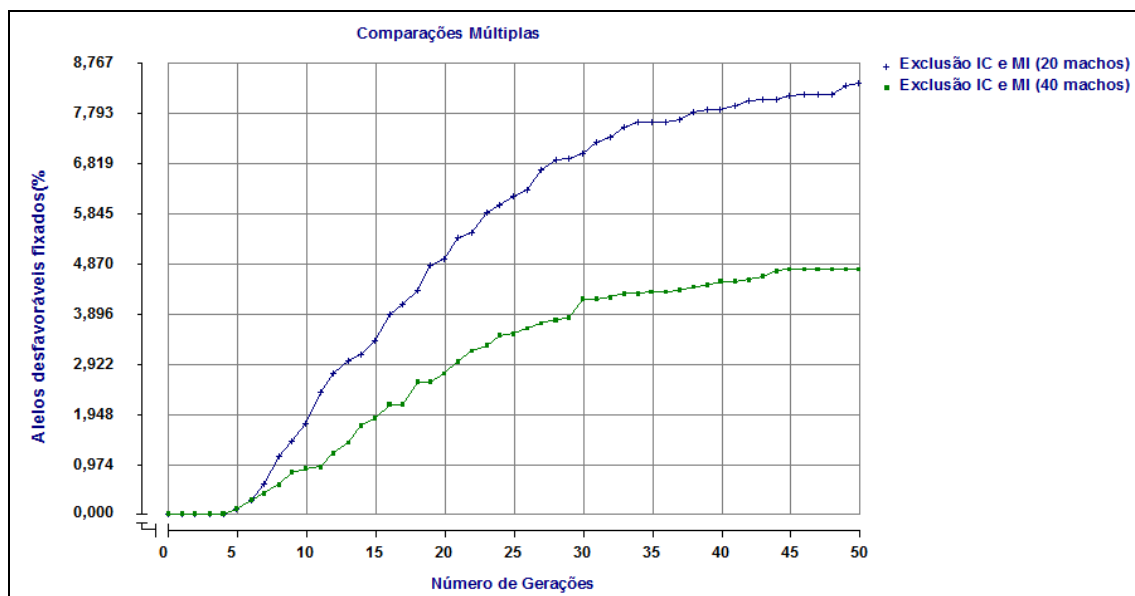


Figura 24 – Perdas por fixação de alelos desfavoráveis obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

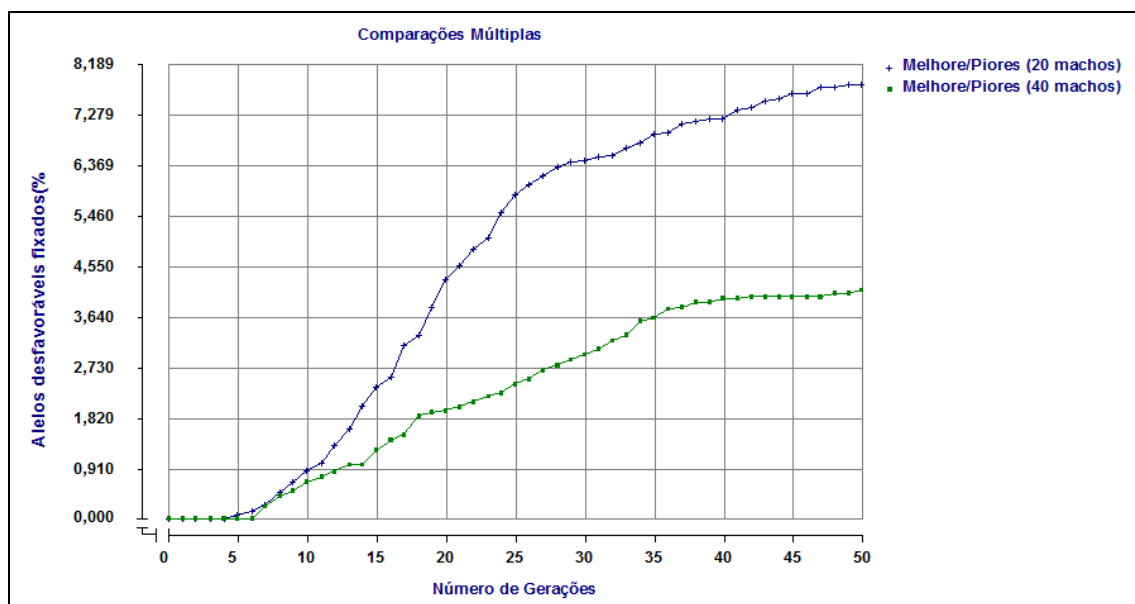


Figura 25 – Perdas por fixação de alelos desfavoráveis obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em diferentes números de machos selecionados ao longo de 50 gerações.

Comparando os resultados com a teoria encontrada na literatura, FALCONER (1987), cita que os efeitos da endogamia durante a seleção têm sido ignorados nos estudos sobre limites da seleção. E ainda o autor ressalta que, teoricamente, a endogamia tende a fazer com que haja fixação de alelos desfavoráveis em alguns *loci*. Assim, espera-se, que a resposta total e a duração da resposta devam ser reduzidas, caso a seleção seja feita numa pequena população submetida a alta taxa de endogamia.

E ainda, segundo EUCLYDES (1996), o BLUP é capaz de localizar indivíduos portadores de *loci* quantitativos “importantes” e fixá-los nos alelos favoráveis. Contudo, durante a fixação de alelos de maiores valores fenotípicos, ocorrem perdas, ou seja, fixações nos alelos desfavoráveis de loci de menor importância, mas que, juntos, possuem grande valor. Esse fenômeno parece bastante associado à endogamia.

O aumento no número de macho reduziu a porcentagem de alelos desfavoráveis fixados em todas as formas de acasalamento. Assim como ocorreu com a média de endogamia e limites de seleção. E a combinação de acasalamento compensatório com aumento no número de macho tende a ser ótimas alternativas para controle de perdas de variabilidade em populações endogâmicas.

4 - Conclusão

O aumento no número de machos em acasalamentos aleatórios, acasalamento entre melhores reprodutores, método que exclui acasalamento entre MI e IC e acasalamento compensatório proporcionou aumento a longo prazo nos valores fenotípicos em consequência da redução na endogamia, nos limites de seleção e na porcentagem de alelos desfavoráveis fixados.

5 - Referências Bibliográficas

- BRISBANE, J.R.; GIBSON, J.P. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. *Theoretical and Applied Genetics*. 91: 421-431, 1995.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. *Heredity*, v. 73, p.657-679, 1994.
- CARNEIRO, P. L. S. Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CUNHA, E. E. Avaliação de tipos de acasalamentos em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 104 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- EISEN, E. J. Conclusions from long-term selection experiments with mice. *Journal Series of the North Carolina Agricultural Research Service*. Raleigh, N. C. USA, p. 305-319, 1980.
- EUCLYDES, R.F. Uso do sistema para simulação GENESYS na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: UFV, 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).
- FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, MG: UFV, 2. impressão, 1987. 279p.
- MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetic, Selection and Evolution*, v. 24, p. 305-313, 1992.

MUIR, W. M. Genetic selection strategies: computer modeling. Poultry Science, v. 76, n. 8, p. 1066-1070, 1997.

QUINTON, M., SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. Journal of Animal Science, v. 73, n. 8, p.2208-2212, 1995.

WEBER, K. E. Large population size and long-term selection response with rapid mass measurement systems using *Drosophila melanogaster*. In: THE THIRTY-EIGHTH ANNUAL NATIONAL BREEDERS' ROUNDTABLE, St. Louis, Missouri, 1989. 24p.

WRIGHT, S. Size of population and breeding structure in relation to evolution. Sci., v.87, p. 430-431, 1938.

Capítulo 3

Controle de endogamia em populações com diferentes intensidades de seleção de fêmeas

1 - Introdução

A seleção exclusivamente de machos é uma prática muito comum entre os melhoristas para alcançar ganhos genéticos, e um dos fatores a favor desta prática é o uso de acasalamentos de várias fêmeas com um macho. Esta prática de utilizar uma relação entre machos e fêmeas diferentes de 1:1 já “força” o melhorista a praticar seleção nos machos, para isto, basta imaginar uma população com 80 machos e 80 fêmeas, onde é proposto utilizar a relação de 10 fêmeas para cada macho. Teríamos assim a necessidade de apenas 8 machos, e desde que estes machos não sejam escolhidos aleatoriamente, o melhorista terá feito seleção nos machos.

No caso de fêmeas, o que ocorre na maioria das populações é que o melhorista opta apenas em realizar descarte, o que não deixa de ser uma seleção.

Com a utilização do BLUP associado ao modelo animal, podemos obter o valor genético de todos os animais da população, basta que este tenha informação de produção ou algum laço de parentesco com outros animais da população estudada. Então, obter valor genético de fêmeas não chega a ser um problema que limitaria a prática de seleção em fêmeas.

A seleção aplicada em machos e fêmeas poderia aumentar o progresso genético pelo simples fato de aumentar a pressão de seleção nos dois lados do acasalamento. No entanto, na prática, aumentar a intensidade de seleção em fêmeas tende a ter elevado custo, pois iria alterar a relação macho/fêmea, e em espécies que possui menor número de progênie, para se obter o número de filhos desejados teria que diminuir a intensidade de seleção nos machos. Além disso, a seleção de fêmeas utilizando o BLUP pode aumentar a endogamia da população se o melhorista não utilizar pelo menos um plano de acasalamentos que restrinja incrementos de consangüinidades.

No caso de populações fechadas, outro problema além da consanguinidade seria o esgotamento da variabilidade genética com redução dos limites de seleção.

A realização deste trabalho teve como objetivo avaliar diferentes formas de acasalamento como controle de endogamia em populações com uso de fêmeas obtidas por seleção ou não.

2 - Metodologia

2.1 Simulações dos dados

Para realização deste trabalho, foram simulados dados utilizando o sistema computacional GENESYS 2010, uma versão atualizada (EUCLYDES, 1996). O programa GENESYS permite a criação do genoma dos animais, sendo possível definir, para determinada característica, o número de locos e alelos envolvidos, número de efeitos fixos, bem como a herdabilidade, a média e a variância genética, além da média e da variância dos efeitos fixos. E o valor fenotípico dos animais é o resultado da soma dos efeitos aditivos dos genes, dos efeitos fixos considerados mais o efeito aleatório relativo ao ambiente.

Depois de simulado o genoma com as especificações desejadas, foram gerados os animais da população-base por meio da combinação aleatória dos cromossomos e dos alelos simulados. Então, os animais da população-base são acasalados para gerar a população-inicial, que pode ser multiplicada por várias gerações sob diferentes métodos de seleção ou acasalamento ao acaso, permitindo os mais diversos tipos de estudo.

Durante os acasalamentos, todas as fases do processo reprodutivo são consideradas, incluindo a gametogênese, a zigotogênese e a recombinação gênica. Todas estas características do Genesys tornam os dados simulados muito próximos dos dados obtidos em populações reais.

2.2 Simulação do genoma

Foi simulado um genoma de 958 centimorgans de comprimento, considerando uma característica cuja expressão era determinada por 200 locos com dois alelos por loco distribuídos em 40 cromossomos. As frequências iniciais dos alelos foram simuladas com base na distribuição uniforme e tiveram valor inicial médio de 0,50. Os locos foram distribuídos ao acaso em quarenta pares de cromossomos autossômicos de

tamanhos aleatórios. Os alelos possuíam apenas efeitos aditivos, sendo desconsiderados os desvios de dominância e as interações epistáticas. Admitiu-se o efeito fixo de sexo. Os efeitos não controlados de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal.

Estudou-se apenas uma característica quantitativa (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3 kg e desvio-padrão fenotípico de 0,3 kg e com herdabilidade (h^2) igual a 0,30.

2.3 Simulação das populações

2.3.1 População base

Foi simulada uma população-base constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). Na obtenção dos animais da população base, foram simulados os gametas (espermatozóides e óvulos), para a formação dos zigotos. Como os processos utilizados foram inteiramente aleatórios, desde a simulação dos gametas, pareamento, formação dos zigotos, considerou-se a inexistência de parentesco entre os indivíduos nesta população, uma vez que os gametas foram produzidos ao acaso e não como resultado de segregações mendelianas.

O sexo dos indivíduos foi definido pela simulação de um número aleatório, uniformemente distribuído e dentro do intervalo de 0 a 1, sendo considerado macho o indivíduo que estivesse no intervalo de 0 a 0,5 e fêmea, para os valores simulados entre 0,5 a 1.

2.3.2 População inicial

A partir da população base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 20 machos e 200 fêmeas, produzindo 8 descendentes por acasalamento, gerando 1.600 indivíduos. O parentesco entre os indivíduos foram gerados a partir da população inicial.

2.4 Populações submetidas à seleção

Depois de formada a população inicial, teve início à formação das populações de seleção.

A seleção foi praticada utilizando-se os valores genéticos preditos pelo BLUP (melhor preditor linear não viesado), com o uso do modelo animal. Foram consideradas as informações de pedigree das três últimas gerações. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A seleção foi conduzida por 50 gerações, sendo que o processo de simulação por geração foi repetido 20 vezes, a fim de reduzir os efeitos de flutuação genética (CARNEIRO, 2002).

2.5 Seleção em fêmeas

No intuito de se testar o efeito da seleção de fêmeas foi simulado 2 níveis de seleção:

- 0% das fêmeas utilizadas foram obtidas por seleção.
- 100% das fêmeas utilizadas foram obtidas por seleção.

2.6 Métodos de Acasalamentos

Como forma de controle de endogamia, foi simulada as seguintes formas de acasalamento:

- Acasalamento ao acaso (aaa) - A chance de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à frequência desse genótipo na população. Esta forma de acasalamento foi simulada para servir de base de comparação.

- Acasalamento com exclusão de irmãos completos (IC) e meio-irmãos (MI) – Acasalamento realizado com objetivo de redução de endogamia, já que não há sobreposição de gerações, não tivemos acasalamentos entre pais e filhos, logo o acasalamento que poderia resultar em maior endogamia seria de irmãos completos e meio-irmãos.

- Acasalamento de Melhores com Piores (Acasalamento Compensatório) – A intenção deste tipo de acasalamento é fazer com que melhores machos se acasalem com piores fêmeas ou vice-versa, desta forma teríamos um tipo de compensação associado a uma reduzida endogamia, já que pressupomos que se existe grande diferença no valor genético dos indivíduos acasalados, também existirá distância em termo de parentesco.

Na figura 01 esta o esquema que mostra de forma resumida como foi feito o processo de simulações.

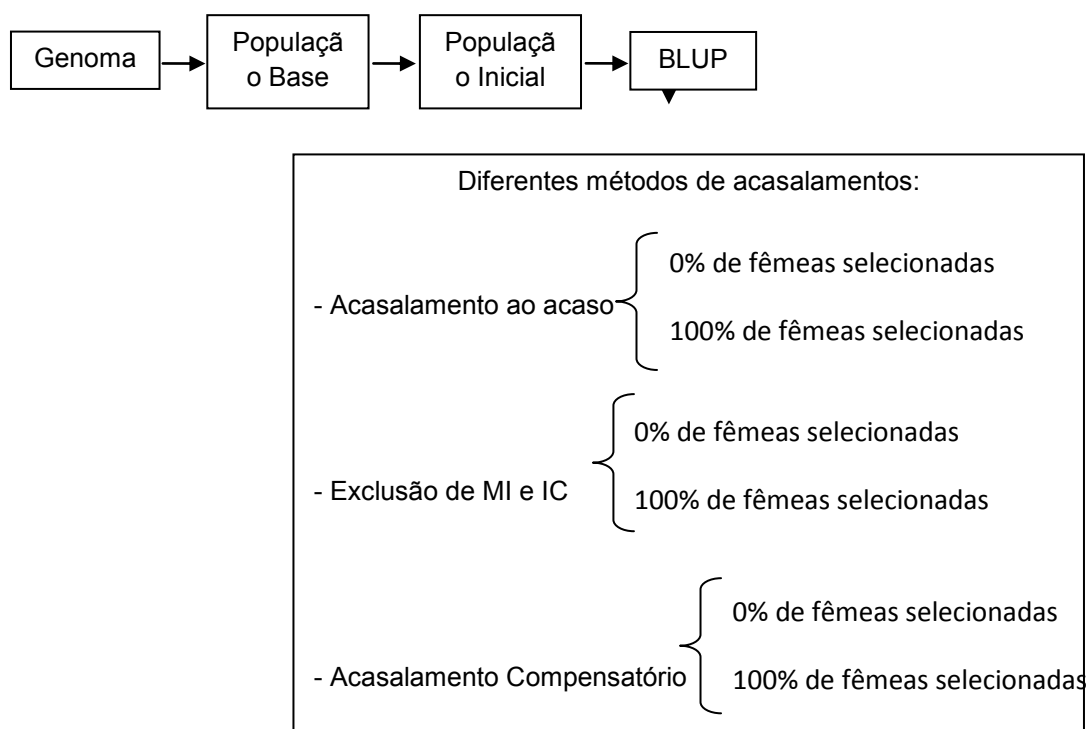


Figura 01 – Esquema com seqüência de simulação realizada pelo software Genesys.

2.7 Parâmetros avaliados

Os tipos de acasalamento associado as porcentagens de fêmeas selecionadas foram comparados por meio da avaliação dos seguintes parâmetros, no decorrer das gerações: valor fenotípico médio, endogamia média, endogamia máxima, perdas por fixação de alelos desfavoráveis e limite da seleção.

2.7.1 Valor fenotípico Médio

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

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

$$\bar{P} = \frac{\sum_{i=1}^n P_i}{n},$$

Em que n é o número total de indivíduos na população, a cada geração.

2.7.2 Endogamia média

Calculou-se o coeficiente de endogamia individual (Wright, 1923) a cada geração, utilizando-se o método de MEUWISSEN e LUO (1992), que considera todo o *pedigree* de cada indivíduo.

2.7.3 Limite da seleção

Este parâmetro foi definido de acordo com a probabilidade de fixação de alelos favoráveis e desfavoráveis. Alcança valores máximos

quando ocorre a fixação de todos os alelos favoráveis e se reduz quando apenas alelos desfavoráveis são fixados.

2.7.4 Perdas por fixação de alelos desfavoráveis

Calculou-se a percentagem de loci com alelos desfavoráveis fixados, considerada perda genética permanente, em função do número total de *loci* quantitativos para a característica em estudo.

3 - Resultados e Discussão

3.1 Valor Fenotípico

Os resultados de valor fenotípico, para seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de fêmeas, selecionadas ou não, podem ser visualizados nas figuras 02, 03 e 04.

O valor fenotípico foi crescente durante as 50 gerações simuladas para os três métodos de acasalamentos testados nos dois níveis de seleção de fêmeas. Resultado esperado, já que na seleção artificial, ao se escolher os melhores indivíduos a cada geração, é proporcionado um diferencial de seleção cumulativo.

O uso de fêmeas selecionadas nas três formas de acasalamento ocasionou em melhor média de valor fenotípico, no entanto a diferença não foi muito significativa quando analisadas graficamente.

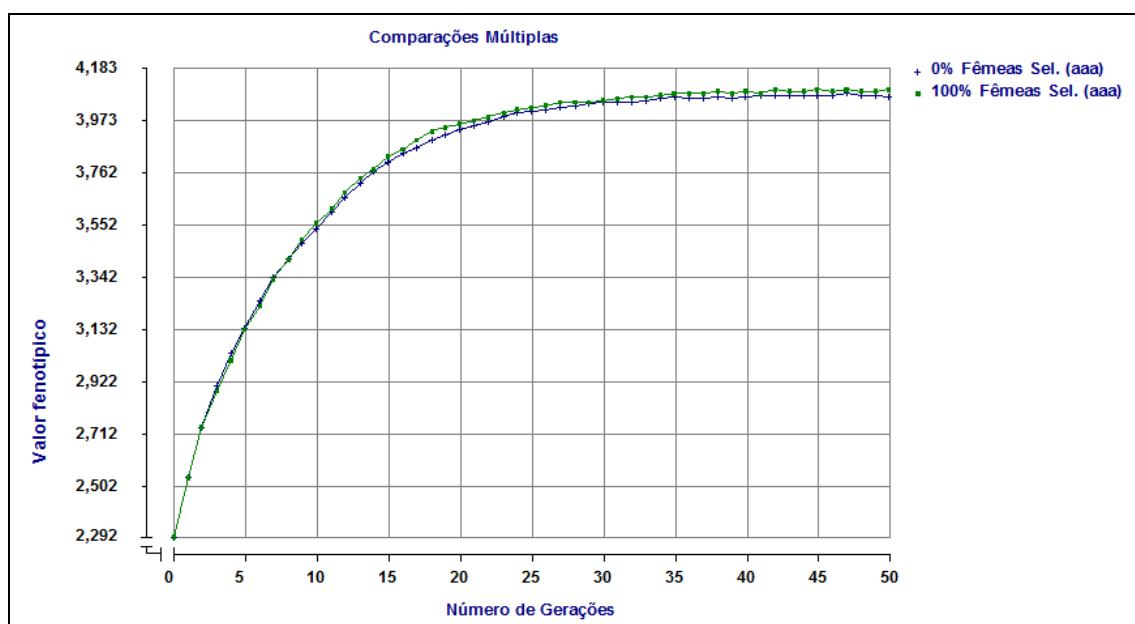


Figura 02 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

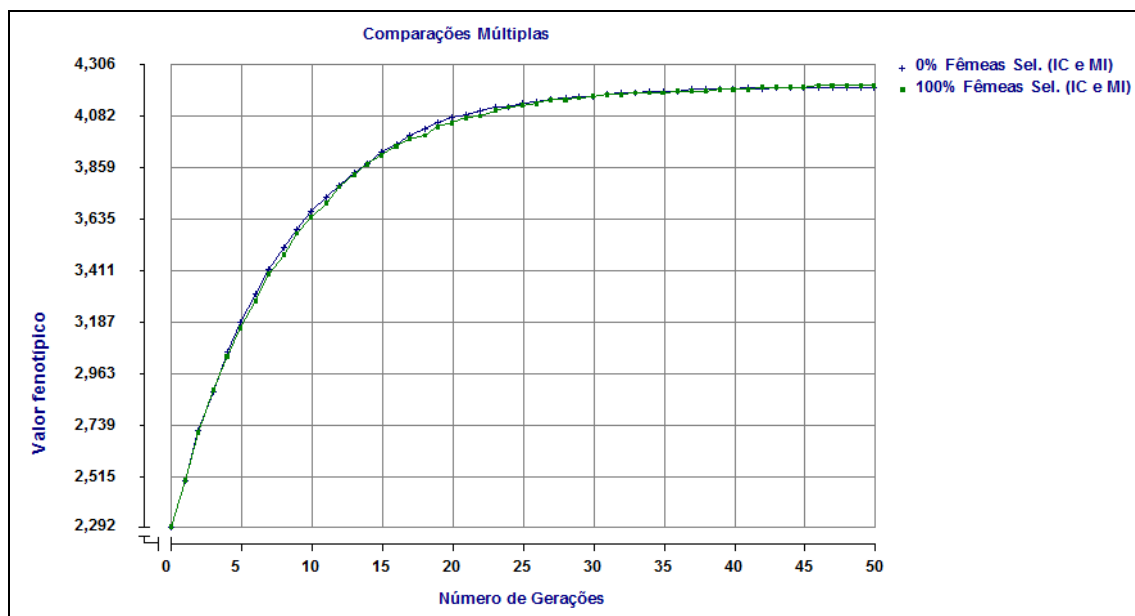


Figura 03 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

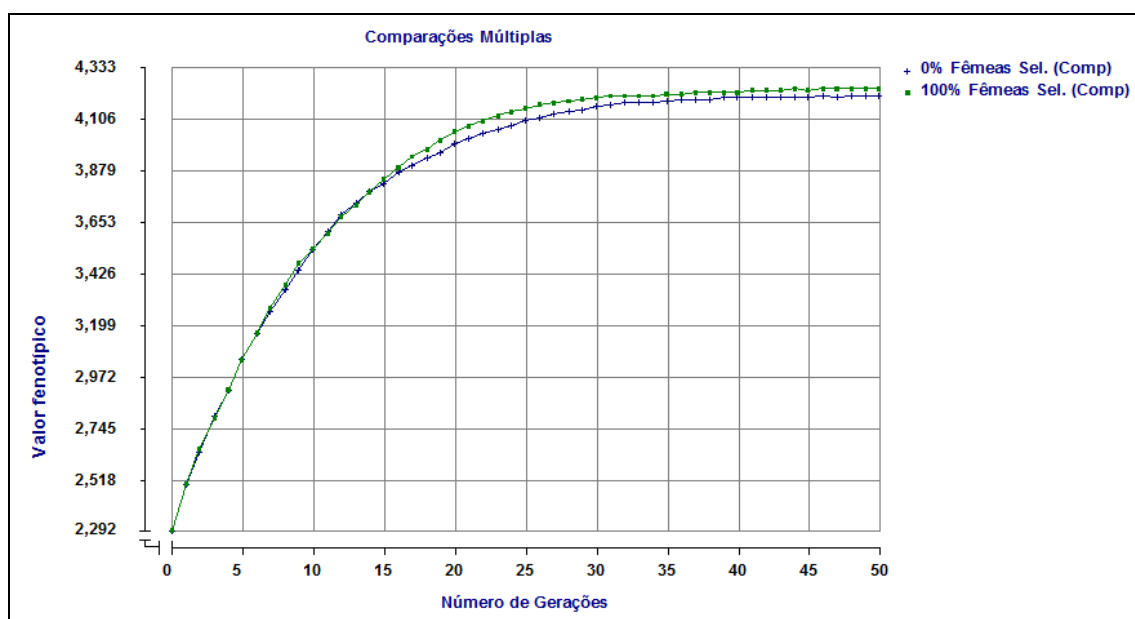


Figura 04 – Valores fenotípicos médios obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

3.2 Porcentagem de animais endogamicos

A porcentagem de animais endogamicos obtidos em seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de fêmeas, selecionadas ou não, podem ser visualizados nas figuras 05, 06 e 07.

Os métodos de seleção que utilizaram 0% e 100% de fêmeas selecionadas, associados aos três métodos de acasalamentos propostos, conduziram ao aumento na quantidade de animais endogâmicos. No entanto os tratamentos foram diferentes em qual geração 100% de animais endogamicos foi atingido.

Acasalamento ao acaso, 100% de animais endogâmicos foi alcançado por volta da 6ª geração tanto para 0 quanto para 100% de fêmeas sob seleção. No acasalamento compensatório isto ocorreu na por volta da 9ª geração e também não houve diferença se as fêmeas eram ou não obtidas por seleção. No caso do método que exclui acasalamento entre MI e IC, houve diferença entre usar fêmeas selecionadas ou não, usando 100% de fêmeas selecionadas o patamar de todos os animais serem endogâmicos ocorreu por volta da 7ª geração, enquanto utilizando fêmeas não selecionadas isto ocorreu na 6ª geração. Isto mostra que o sexo que é utilizado em menor número em relação macho:fêmea diferente de 1:1 é o responsável por quase todo o incremento de endogamia, pois torna toda a população aparentada (machos e fêmeas) com ou sem seleção nas fêmeas.

Nenhum método de acasalamento impediu que a população chegasse a um nível de 100% dos animais serem endogamicos, no entanto, por pior que possa parecer, este resultado não deve ser analisado de forma isolada, é necessário associar a porcentagem de animais endogâmicos com endogamia média por geração.

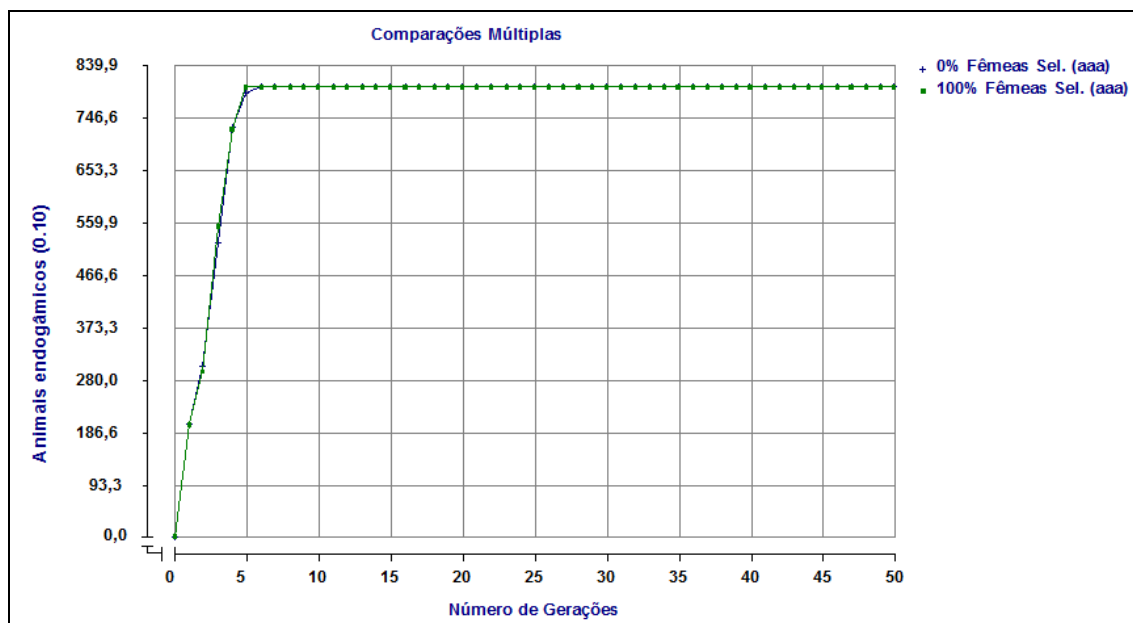


Figura 05 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

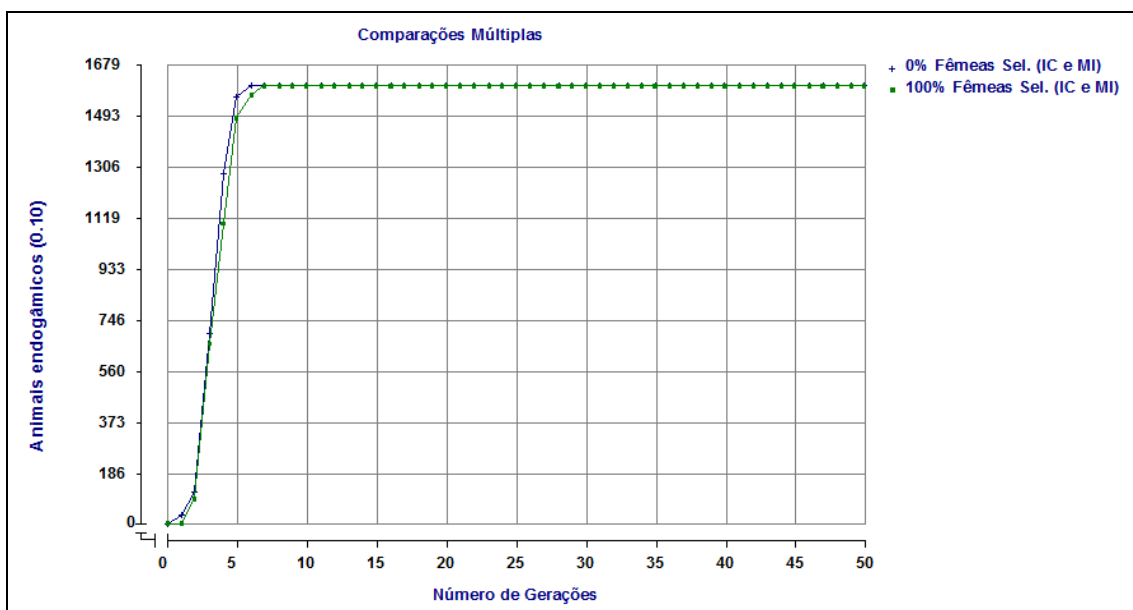


Figura 06 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

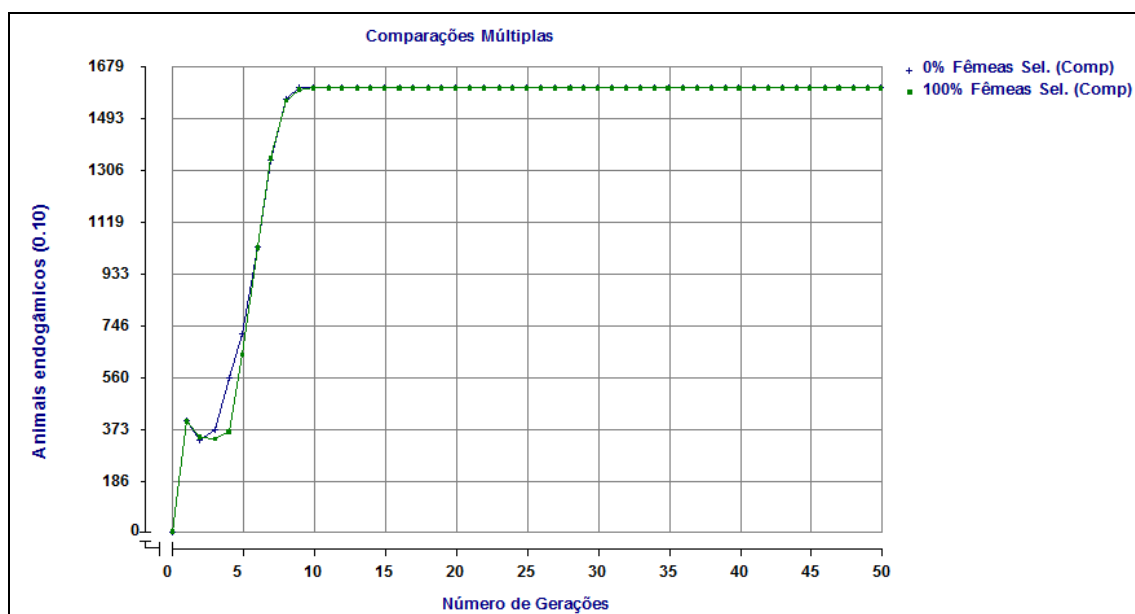


Figura 07 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

3.3 Endogamia Média e Máxima

A média de endogamia por geração e a endogamia máxima obtida em seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de fêmeas, selecionadas ou não, podem ser visualizada nas figuras 08, 09, 10, 11, 12 e 13.

Todas as formas de acasalamento testadas não impediram que houvesse crescimento na média de endogamia nos dois níveis de seleção de fêmeas. Sendo que apenas no método de acasalamento ao acaso houve diferença nos valores de endogamia quando comparado o uso de fêmeas selecionadas ou não.

O fato de se usar fêmeas, selecionadas ou não, não muda a necessidade de ter que se usar algum método de controle de endogamia,

e no caso, o controle de endogamia através da restrição em acasalamentos se mostrou mais eficiente do que realizar acasalamentos aleatórios.

A porcentagem de fêmeas selecionadas e o método de acasalamento empregado influenciaram no valor máximo de endogamia por geração. O uso de 100% de fêmeas selecionadas apresentou menores valores de endogamia, o uso de acasalamentos que restringem acasalamentos entre IC e MI foi eficiente na redução de endogamia máxima.

Analizando caso em que o uso de 100% de fêmeas selecionadas apresentou menor média de endogamia, este resultado pode ser particular a este caso onde utilizamos um valor de herdabilidade médio-alto (0,30) associado ao BLUP. Neste caso, a informação de família se torna “menos importante” em relação a observação do próprio indivíduo para cálculo do valor genético. Seriam necessárias pesquisas testando o nível de seleção de fêmeas simulando características de baixa herdabilidade, para concluir se o peso dado a informação de famílias pelo BLUP neste caso seria significativo no incremento de endogamia.

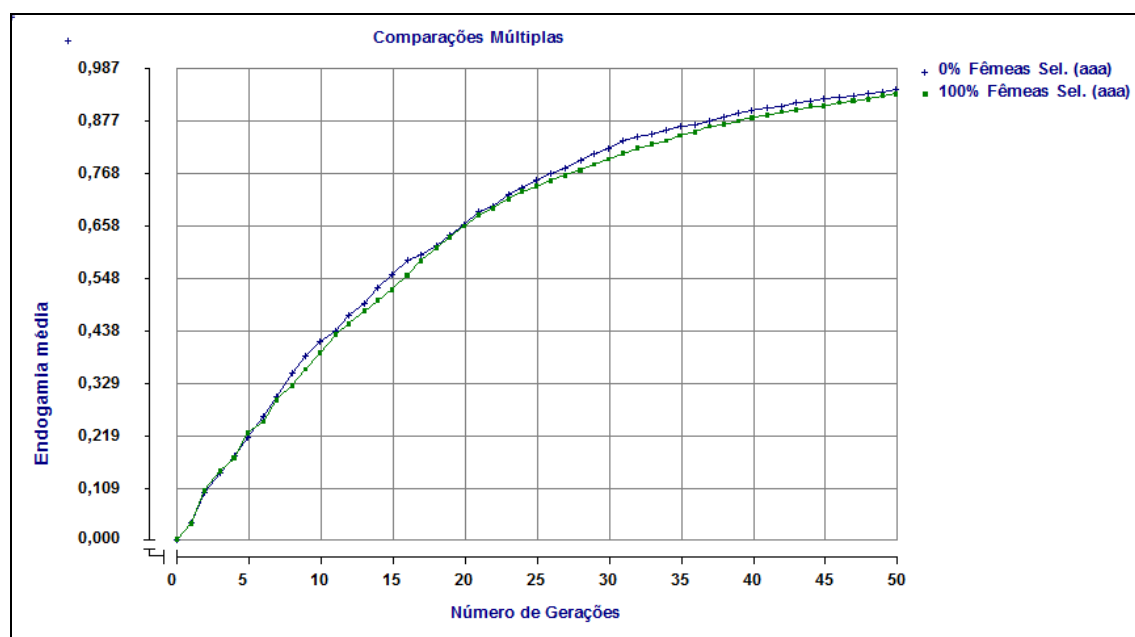


Figura 08 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

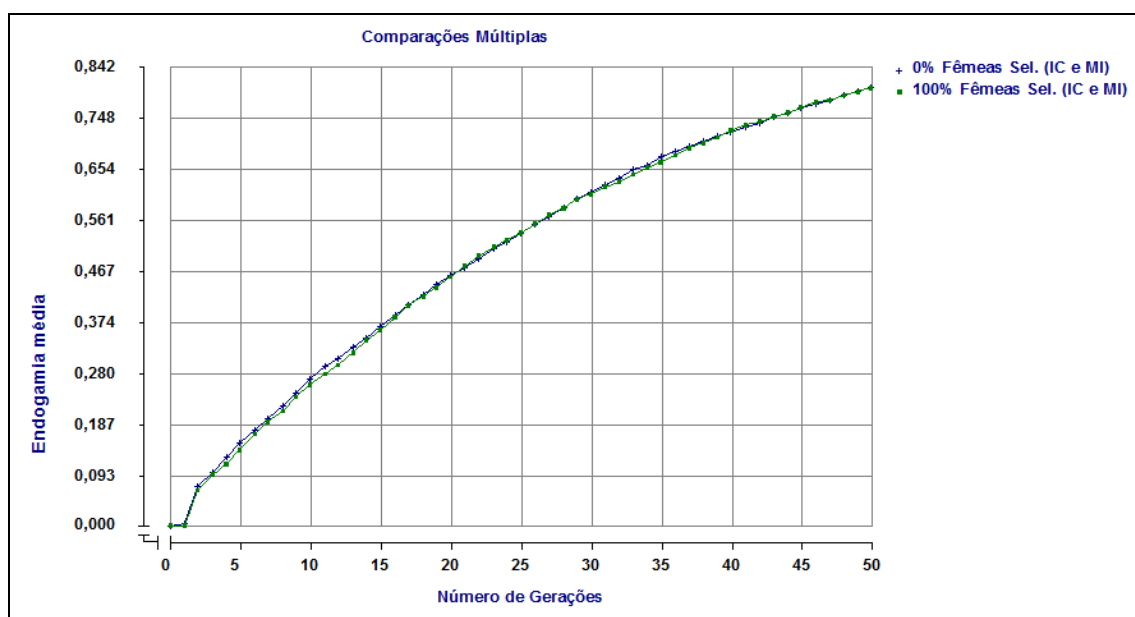


Figura 09 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

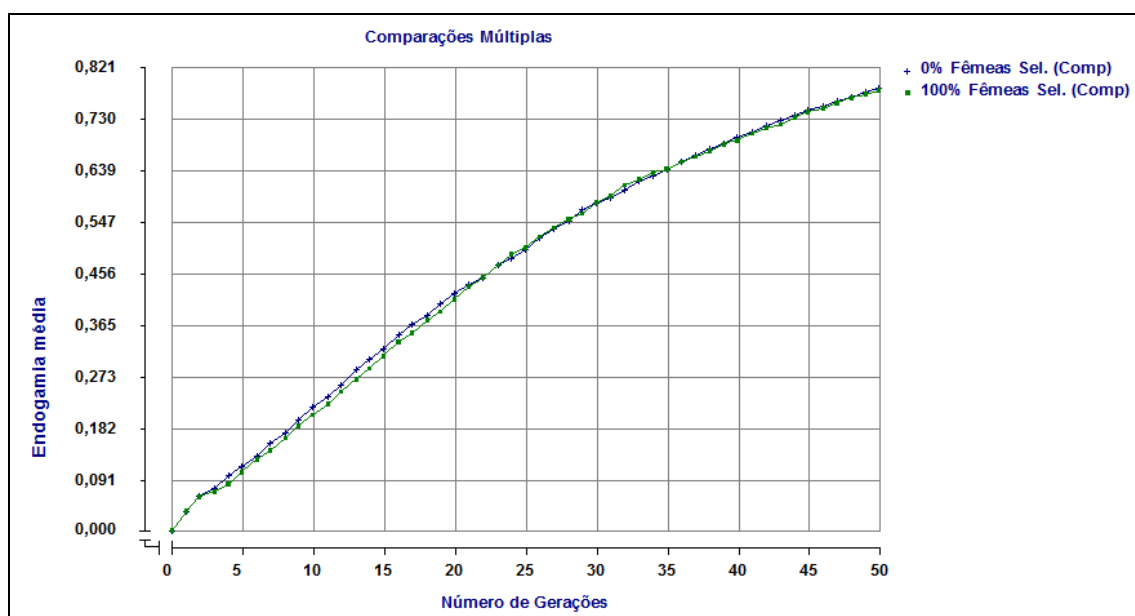


Figura 10 – Média de endogamia obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

Isto reforça a idéia que, em populações fechadas, ou seja, machos e fêmeas oriundos da mesma população, o sexo que é utilizado em menor número em relação macho:fêmea diferente de 1:1 é o responsável por quase todo o incremento de endogamia, pois torna toda a população aparentada (machos e fêmeas) com ou sem seleção nas fêmeas. A maior seleção nos machos reduz o número de famílias selecionadas e com o passar das gerações torna as fêmeas aparentadas, mesmo que estas sejam escolhidas aleatoriamente na população.

Analisando a endogamia máxima obtida a cada geração, a única forma de acasalamento que apresentou diferença nos valores entre uso de fêmeas selecionadas ou não foi o acasalamento ao acaso. O método que exclui acasalamentos entre MI e IC e acasalamento compensatório não diferiram graficamente quanto ao uso de fêmeas selecionadas ou não (figuras 11, 12 e 14).

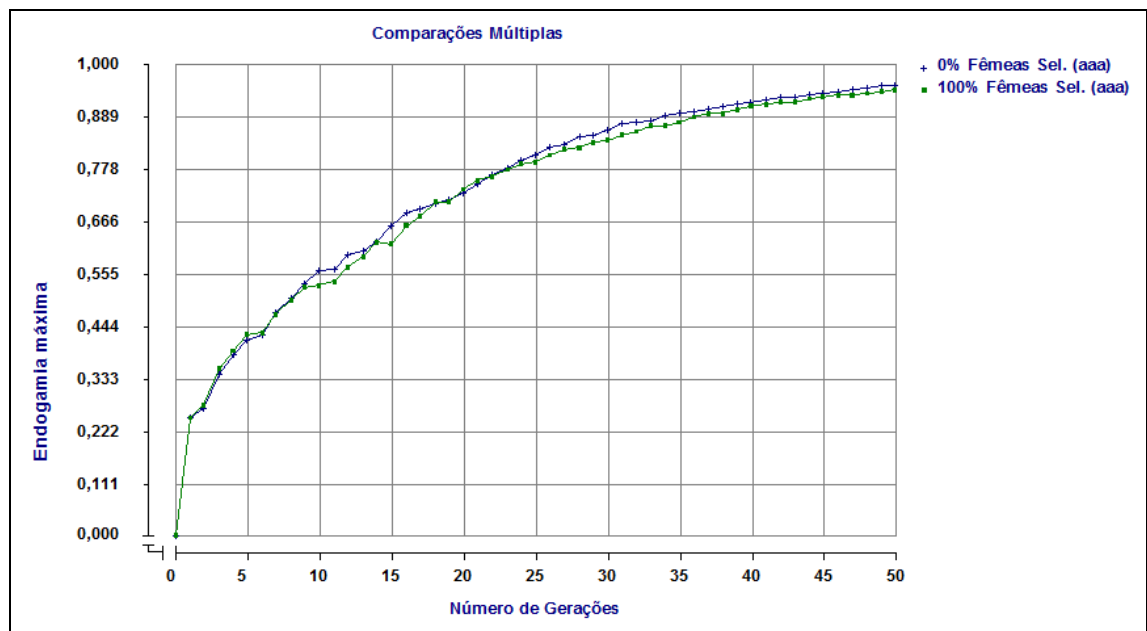


Figura 11 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

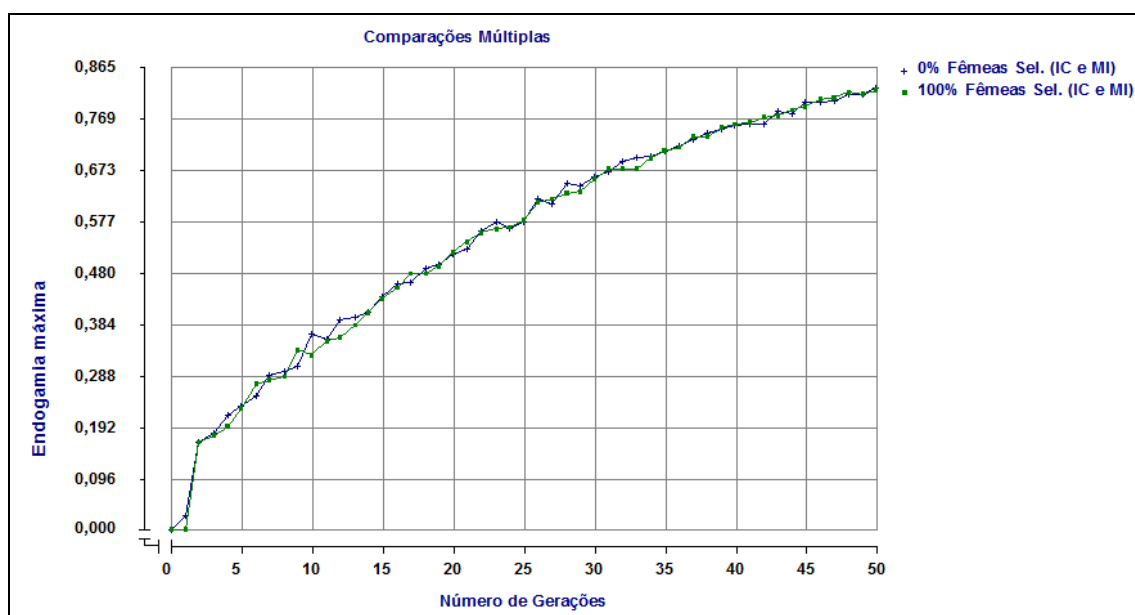


Figura 12 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

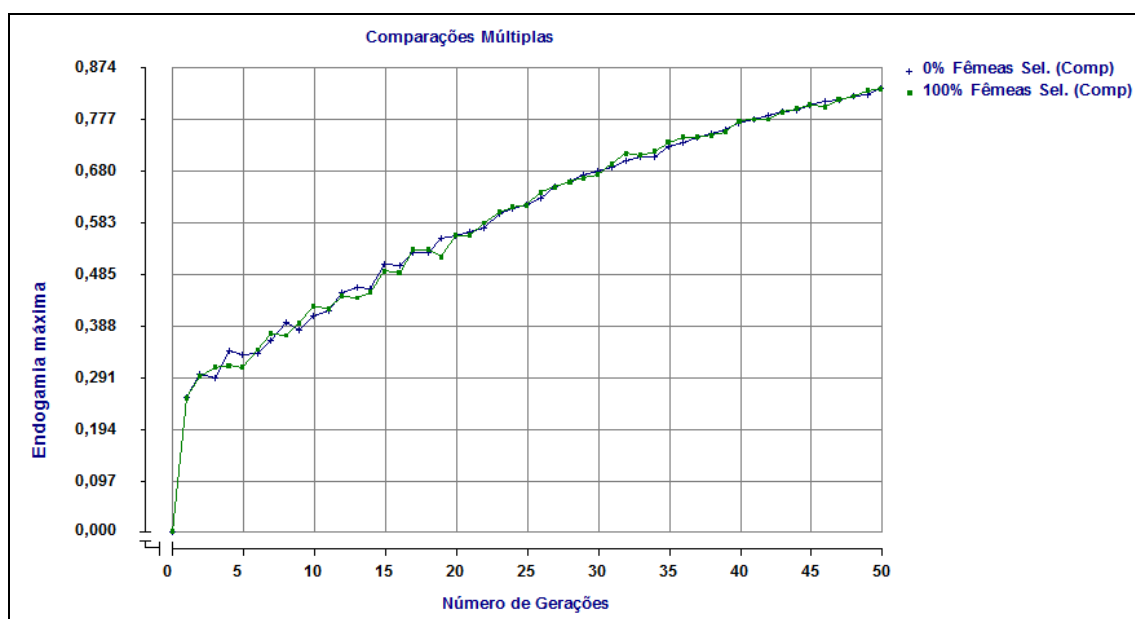


Figura 13 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

3.4 Limites de seleção

O limite de seleção em populações sob seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP associados a diferentes métodos de acasalamento e com uso de fêmeas, selecionadas ou não, podem ser visualizada nas figuras 14, 15 e 16.

Em todos os casos houve queda nos limites de seleção a partir da quarta geração. Este resultado era esperado, já que de acordo com FALCONER (1987), não se espera respostas à seleção indefinidamente. Após determinado número de gerações, todos os alelos favoráveis, que estejam segregando, serão fixados. À medida que os alelos favoráveis se aproximarem da fixação, haverá redução na resposta à seleção, de maneira que, ao cessar a resposta, a população é dita estar no limite da seleção.

Os efeitos negativos da endogamia foram evidenciados MEUWISSEN e WOOLLIAMS (1994), dentre eles o autor cita redução nos limites da seleção para a característica considerada na seleção. E segundo Cunha (2001), conhecendo os efeitos prejudiciais no processo de seleção, o grande desafio passa a ser o de reduzir as taxas de endogamia a níveis aceitáveis, no decorrer das gerações, ou, de outra forma, tentar otimizar ganhos genéticos em níveis pré-determinados. Nesse sentido, diversas estratégias de seleção devem ser propostas, no intuito de otimizar o uso da variabilidade genética em populações selecionadas e, com isso, assegurar maiores taxas de respostas à seleção, sobretudo em médio e longo prazo, reduzindo-se os efeitos prejudiciais da endogamia.

Em todos os tipos de acasalamentos propostos, o uso de fêmeas selecionadas reduziu mais rapidamente os limites de seleção. Sendo que a diferença entre o uso de fêmeas selecionadas ou não foi mais evidente nas formas de acasalamento que não ao acaso.

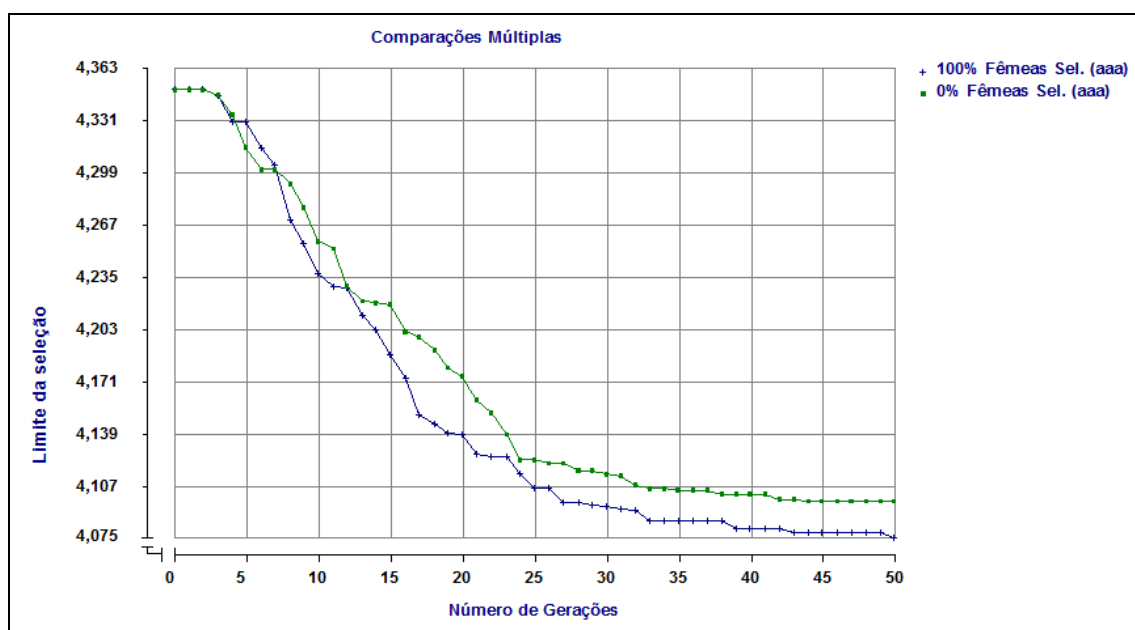


Figura 14 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

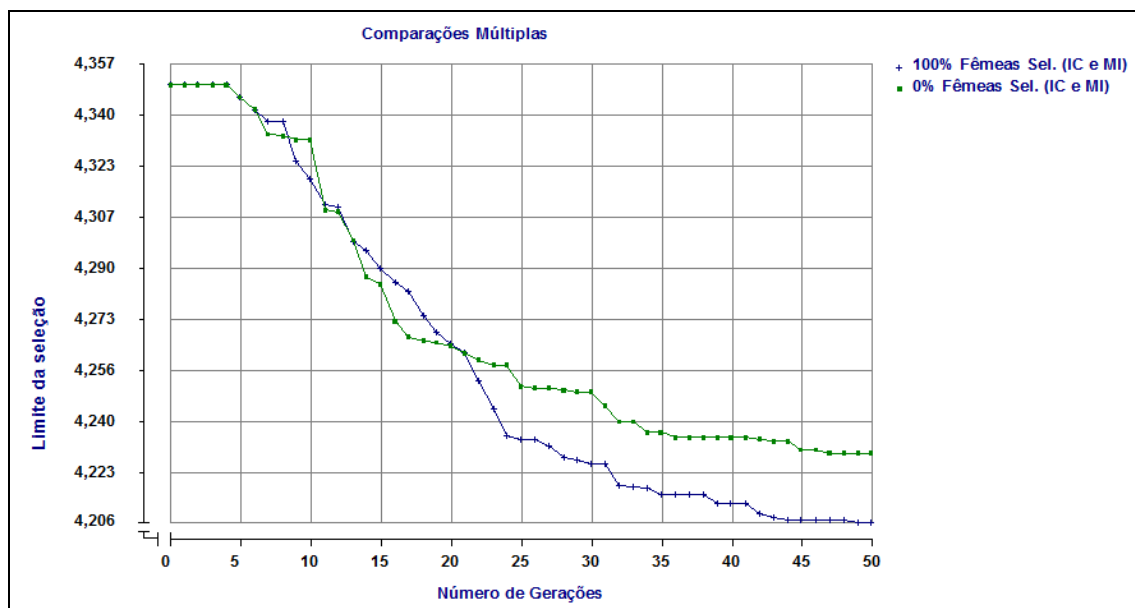


Figura 15 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando método que exclui acasalamento entre MI e IC, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

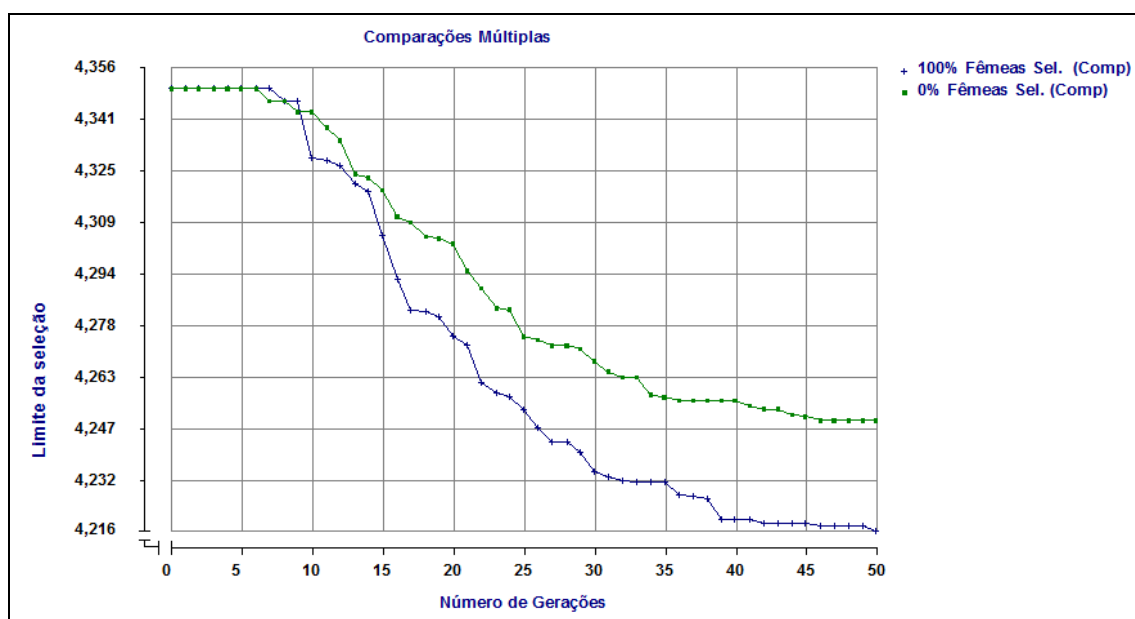


Figura 16 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento compensatório, em populações com fêmeas obtidas por seleção ou não, ao longo de 50 gerações.

4 - Conclusão

O fato de praticar ou não seleção em fêmeas utilizando os valores genéticos preditos pelo BLUP não muda a necessidade de se controlar os incrementos de endogamia.

Populações fechadas que não utilizam selecionar fêmeas também perdem variabilidade genética.

5 - Referências Bibliográficas

- CARNEIRO, P. L. S. Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CUNHA, E. E. Avaliação de tipos de acasalamentos em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 104 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- EUCLYDES, R.F. Uso do sistema para simulação GENESYS na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: UFV, 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).
- FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, MG: UFV, 2. impressão, 1987. 279p.
- MEUWISSEN, T. H. E., WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theoretical and Applied Genetics, v. 89, p. 1019-1026, 1994.
- MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genetic, Selection and Evolution, v. 24, p. 305-313, 1992.
- WRIGHT, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurement of inbreeding and relationship. J. Heedity, v.14, p.339-348, 1923.

Capítulo 4

Controle de endogamia em populações sob seleção baseada no BLUP considerando um valor de herdabilidade maior.

1 - Introdução

O BLUP possui uma série de vantagens quando associado com o modelo animal para obtenção do valor genético de indivíduos de uma população. Podemos citar a inclusão da informação completa de família por meio da matriz do numerador dos coeficientes de parentesco, avaliação de indivíduos sem observação ou com informações perdidas, avaliação simultânea de reprodutores, matrizes e progênie e avaliação de indivíduos de diferentes níveis de efeitos fixos entre outras.

Para calcular o valor genético de um indivíduo, o BLUP leva em consideração a observação do próprio indivíduo (se houver) e as informações dos parentes. A ênfase dada a informação de família e a informação do próprio indivíduo é dependente da herdabilidade da característica em questão. Se a herdabilidade for alta, será dado um maior peso para informação individual e se a herdabilidade for baixa, o peso será maior para informação da família.

No caso de prever valor genético utilizando BLUP associado a uma característica de baixa herdabilidade, a informação de família terá maior peso, assim, o melhorista tenderá a escolher melhores famílias, caso utilize como critério de seleção, apenas o maior valor genético. Neste caso, a tendência da endogamia da população é aumentar devido ao uso de reprodutores de mesma família caso não seja utilizado nenhuma forma de acasalamento que restrinja acasalamentos endogâmicos.

Uma forma de reduzir o incremento de endogamia de uma população é alterar o peso que é dado para informação da família na hora de calcular o valor genético. Para isso, basta aumentarmos o valor da herdabilidade a ser utilizada, pois consequentemente iremos diminuir o peso da informação de família, aumentando o peso dado a informação individual. Neste caso iremos evitar selecionar poucas famílias se utilizarmos como critério de seleção, o valor genético.

A realização deste trabalho teve como objetivo avaliar o incremento de endogamia e a resposta a seleção em populações simuladas, utilizando como método de redução de endogamia o uso de herdabilidades aumentadas.

2 - Metodologia

2.1 Simulações dos dados

Para realização deste trabalho, foram simulados dados utilizando o sistema computacional GENESYS 2010, uma versão atualizada (EUCLYDES, 1996). O programa GENESYS permite a criação do genoma dos animais, sendo possível definir, para determinada característica, o número de locos e alelos envolvidos, número de efeitos fixos, bem como a herdabilidade, a média e a variância genética, além da média e da variância dos efeitos fixos. E o valor fenotípico dos animais é o resultado da soma dos efeitos aditivos dos genes, dos efeitos fixos considerados mais o efeito aleatório relativo ao ambiente.

Depois de simulado o genoma com as especificações desejadas, foram gerados os animais da população-base por meio da combinação aleatória dos cromossomos e dos alelos simulados. Então, os animais da população-base são acasalados para gerar a população-inicial, que pode ser multiplicada por várias gerações sob diferentes métodos de seleção ou acasalamento ao acaso, permitindo os mais diversos tipos de estudo.

Durante os acasalamentos, todas as fases do processo reprodutivo são consideradas, incluindo a gametogênese, a zigotogênese e a recombinação gênica. Todas estas características do Genesys tornam os dados simulados muito próximos dos dados obtidos em populações reais.

2.2 Simulação do genoma

Foi simulado um genoma de 958 centimorgans de comprimento, considerando uma característica cuja expressão era determinada por 200 locos com dois alelos por loco distribuídos em 40 cromossomos. As frequências iniciais dos alelos foram simuladas com base na distribuição

uniforme e tiveram valor inicial médio de 0,50. Os locos foram distribuídos ao acaso em quarenta pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios. Os alelos possuíam apenas efeitos aditivos, sendo desconsiderados os desvios de dominância e as interações epistáticas. Admitiu-se o efeito fixo de sexo. Os efeitos não controlados de ambiente foram simulados conforme a distribuição normal.

Estudou-se apenas uma característica quantitativa (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3 kg e desvio-padrão fenotípico de 0,3 kg e com herdabilidade (h^2) igual a 0,10.

2.3 Simulação das populações

2.3.1 População base

Foi simulada uma população-base constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). Na obtenção dos animais da população base, foram simulados os gametas (espermatozóides e óvulos), para a formação dos zigotos. Como os processos utilizados foram inteiramente aleatórios, desde a simulação dos gametas, pareamento, formação dos zigotos, considerou-se a inexistência de parentesco entre os indivíduos nesta população, uma vez que os gametas foram produzidos ao acaso e não como resultado de segregações mendelianas.

O sexo dos indivíduos foi definido pela simulação de um número aleatório, uniformemente distribuído e dentro do intervalo de 0 a 1, sendo considerado macho o indivíduo que estivesse no intervalo de 0 a 0,5 e fêmea, para os valores simulados entre 0,5 a 1.

2.3.2 População inicial

A partir da população base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 10 machos e 100 fêmeas, produzindo 10 descendentes

por acasalamento, gerando 1.000 indivíduos. O parentesco entre os indivíduos foram gerados a partir da população inicial.

2.4 Populações submetidas à seleção

Depois de formada a população inicial, teve início à formação das populações de seleção.

A seleção foi praticada utilizando-se os valores genéticos preditos pelo BLUP (melhor preditor linear não viesado), com o uso do modelo animal. Foram consideradas as informações de pedigree das três últimas gerações. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A seleção foi conduzida por 40 gerações, sendo que o processo de simulação por geração foi repetido 20 vezes, a fim de reduzir os efeitos de flutuação genética (CARNEIRO, 2002).

2.5 Herdabilidade aumentada

No intuito de avaliar o uso de herdabilidade aumentadas, foi simulado a seleção baseada no BLUP aumentando a herdabilidade de 0,10 para 0,30, 0,50, 0,70 e 0,90.

2.6 Métodos de Acasalamentos

Não foi utilizado nenhum método de acasalamento que restringisse o incremento de endogamia, apenas foi utilizado o método de acasalamento ao acaso (aaa).

No método de acasalamento ao acaso (aaa) a chance de um indivíduo se acasalar com outro de determinado genótipo é igual à

freqüência desse genótipo na população. Esta forma de acasalamento foi simulada para servir de base de comparação.

Na figura 01 esta o esquema que mostra de forma resumida como foi feito o processo de simulações.

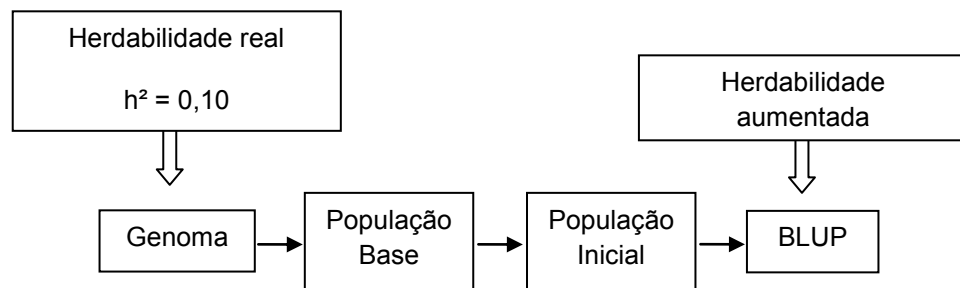


Figura 01 – Esquema com sequência de simulação realizada pelo software Genesys.

2.7 Parâmetros avaliados

Os tipos de acasalamento associado as porcentagens de fêmeas selecionadas foram comparados por meio da avaliação dos seguintes parâmetros, no decorrer das gerações: valor fenotípico médio, endogamia média, endogamia máxima, perdas por fixação de alelos desfavoráveis e limite da seleção.

2.7.1 Valor fenotípico Médio

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

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

$$\bar{P} = \frac{\sum_{i=1}^n P_i}{n},$$

Em que n é o número total de indivíduos na população, a cada geração.

2.7.2 Endogamia média e Máxima

Calculou-se o coeficiente de endogamia individual (Wright, 1923) a cada geração, utilizando-se o método de MEUWISSEN e LUO (1992), que considera todo o *pedigree* de cada indivíduo.

2.7.3 Limite da seleção

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

2.7.4 Perdas por fixação de alelos desfavoráveis

Calculou-se a percentagem de loci com alelos desfavoráveis fixados, considerada perda genética permanente, em função do número total de *loci* quantitativos para a característica em estudo.

3 - Resultados e Discussão

3.1 Endogamia Média e Máxima

A endogamia média e máxima por geração, para seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP, associado ao método de acasalamento ao acaso, utilizando herdabilidade real e herdabilidades aumentadas podem ser visualizados nas figuras 02 e 03.

Houve aumento na endogamia média e no valor máximo de endogamia em todas as herdabilidades testadas, tanto para o valor real como para o valor aumentado. Ou seja, o procedimento testado não impede que haja incremento de endogamia.

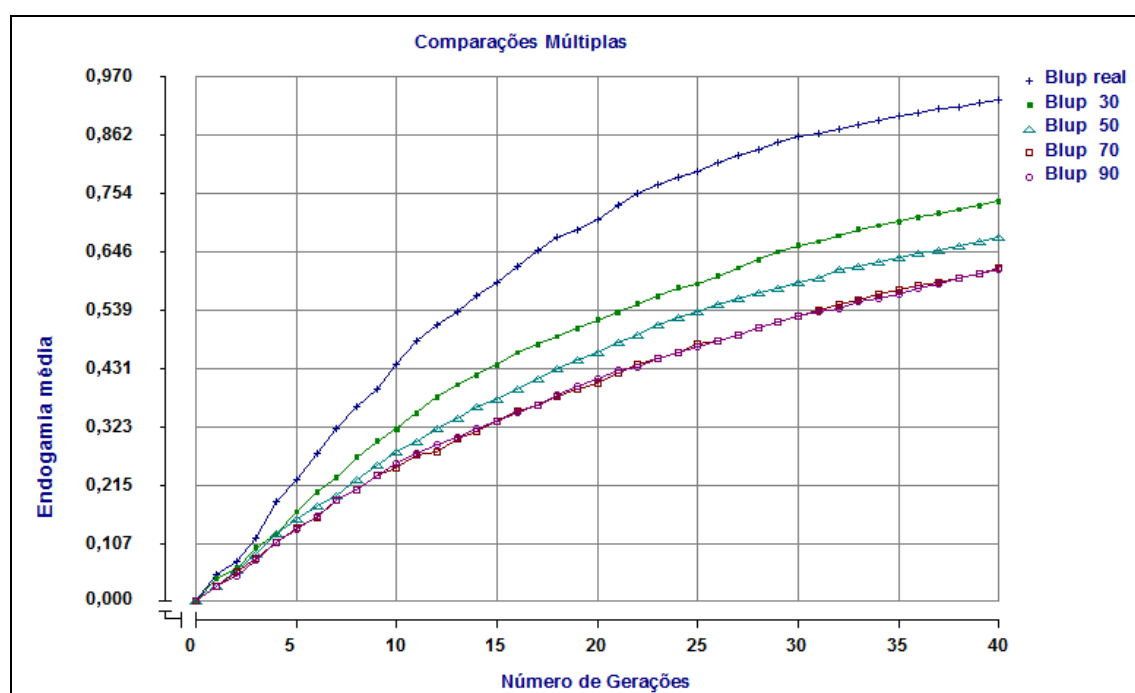


Figura 02 – Endogamia Média obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidades aumentadas, ao longo de 40 gerações.

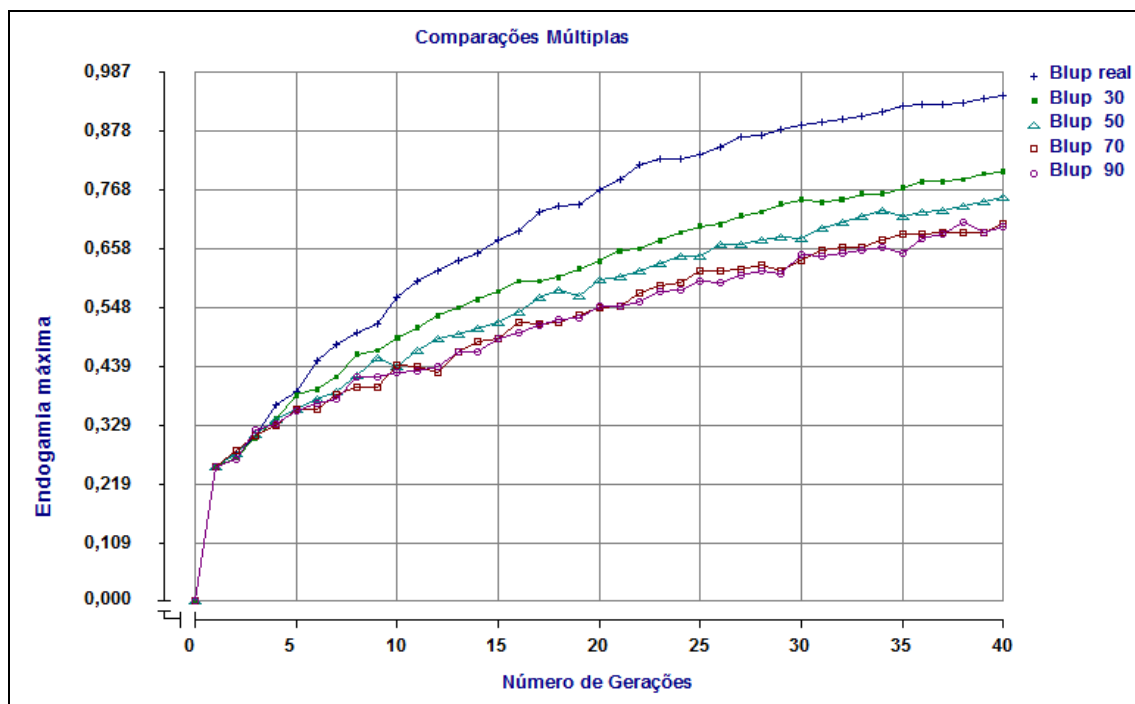


Figura 03 – Endogamia Máxima obtida pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidades aumentadas, ao longo de 40 gerações.

A utilização da herdabilidade real foi o tratamento que apresentou maiores incrementos na média de endogamia e na endogamia máxima por geração.

O procedimento de aumentar o valor da herdabilidade a ser utilizado na seleção baseada no BLUP surtiu resultado favorável no sentido de reduzir o incremento de endogamia e os valores máximos por geração. Aumentar a endogamia de 0,10 para 0,30, 0,50, 0,70 resultou em diminuição na endogamia média e máxima por geração, sendo que a medida que se aumentou o valor da herdabilidade, diminuiu mais e mais os incrementos de endogamia. No entanto, valores de herdabilidade muito altos como 0,70 e 0,90 geraram o mesmo resultado.

A herdabilidade seria um fator ponderador entre a informação individual e informação de família, sendo que valores menores pesam

mais a informação de família e valores maiores de herdabilidade fazem pesar mais a informação individual. No entanto, parece haver um limite, não havendo necessidade de aumentar o valor de herdabilidade até valores próximos de 1.

A informação de que pode haver um ponto máximo, onde eu possa aumentar a herdabilidade, é importante no sentido de não distanciar o valor real do valor aumentado mais que o necessário se o objetivo é reduzir endogamia na população. Isso porque não foi estudado neste trabalho o efeito de alteração na classificação dos animais, o que poderia ser prejudicial para o andamento de alguns programas de melhoramento genético.

Em seu estudo, Villanueva et al. (1994), relatou que aumentar a herdabilidade de 0,35 para 0,70 levou a uma redução significativa da endogamia. Esta redução na endogamia pelo uso de herdabilidade aumentadas em avaliações genéticas no BLUP em núcleos MOET também é relatado por Luo et al. (1995).

E ainda, Quinton and Smith (1995), trabalhando com simulação para avaliar alternativas de seleção e níveis de endogamia, relataram otimismo no uso de herdabilidade aumentadas em avaliações genéticas realizadas utilizando BLUP.

3.2 Porcentagem de animais endogâmicos

A porcentagem de animais endogâmicos, para seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP, associado ao método de acasalamento ao acaso, utilizando herdabilidade real e herdabilidades aumentadas pode ser visualizado na figura 04.

Em todos os casos de herdabilidade testados em algum momento ao longo das gerações, 100% dos animais eram endogâmicos. Neste caso, não foi feito nenhum método de acasalamento que prevenisse

acasalamentos endogâmicos, além de que, a população simulada possui características de uma população fechada, ou seja, mais cedo ou mais tarde todos os animais da população teriam algum grau de endogamia.

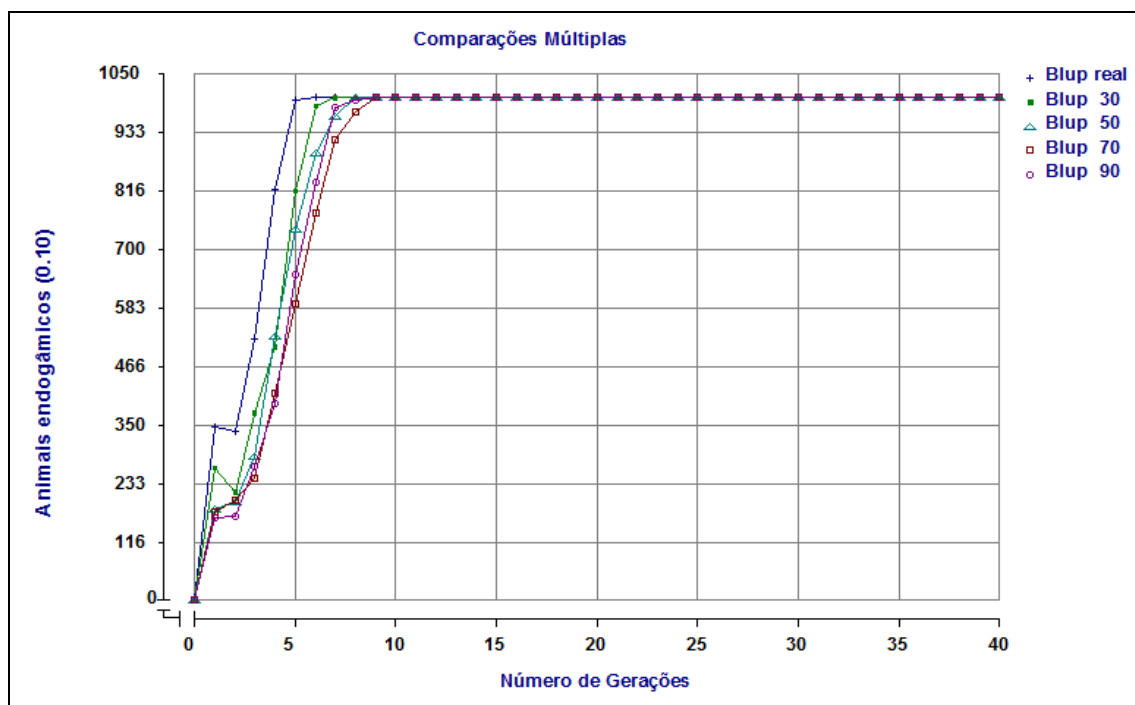


Figura 04 – Porcentagem de animais endogâmicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidades aumentadas, ao longo de 40 gerações.

Utilizando herdabilidade real, todos os animais da população mostraram algum grau de endogamia a partir da 5ª geração. O procedimento de aumentar a herdabilidade utilizada atrasou este momento. Aumentar a herdabilidade de 0,10 para 0,30 atrasou em duas gerações o momento em que todos os animais da população eram oriundos de acasalamentos endogâmicos. Quando o valor de herdabilidade foi aumentado para 0,50, 0,70 e 0,90 não houve diferença entre as mudanças quanto qual geração todos os animais seriam endogâmicos, todos os tratamentos tiveram este ponto como sendo a 9ª geração.

3.3 Porcentagem de alelos desfavoráveis fixados

A porcentagem de alelos desfavoráveis fixados para seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP, associado ao método de acasalamento ao acaso, utilizando herdabilidade real e herdabilidades aumentadas pode ser visualizado na figura 05.

Em todos os valores de herdabilidade testados, seja real seja aumentada, houve incremento na porcentagem de alelos desfavoráveis fixados. No entanto houve diferença entre o uso de herdabilidade real e herdabilidade aumentada.

Cunha (2001) e Breda (2003) também relatam aumento na porcentagem de alelos desfavoráveis fixados em populações endogâmicas simuladas.

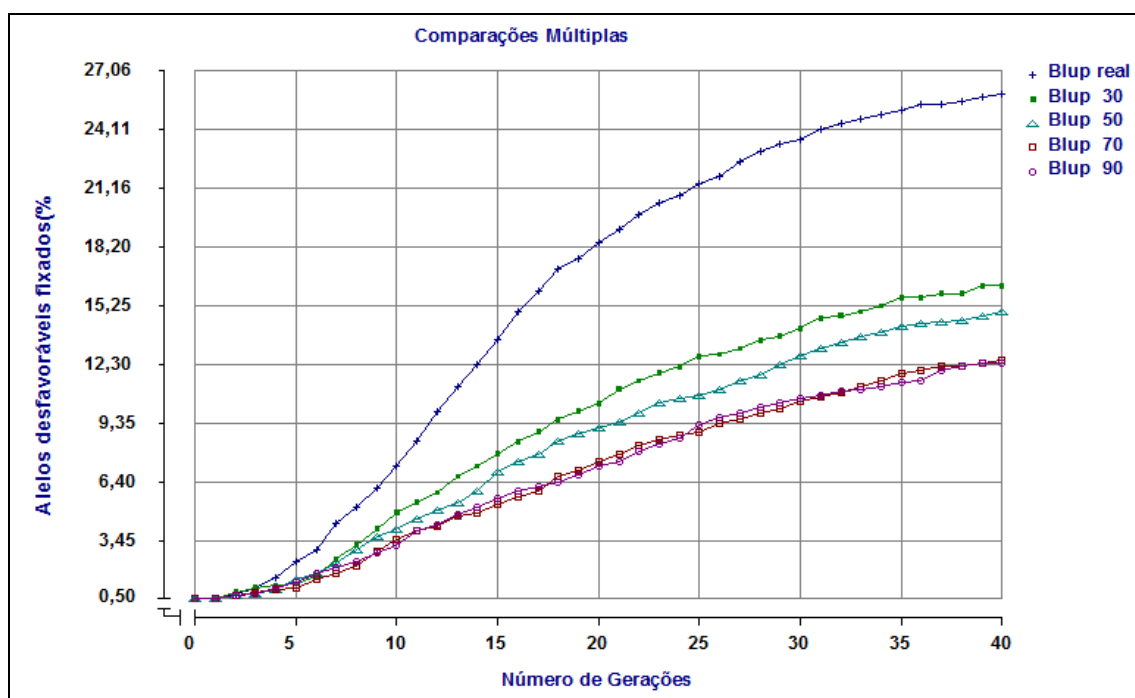


Figura 05 – Porcentagem de alelos desfavoráveis fixados obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidades aumentadas, ao longo de 40 gerações.

O uso de herdabilidade real ocasionou maior fixação de alelos desfavoráveis. Quando aumentamos a herdabilidade de 0,10 até 0,50, houve decréscimo na fixação de alelos desfavoráveis, sendo que em longo prazo, quanto mais aumentamos a herdabilidade menor foi a fixação de alelos desfavoráveis. No entanto, aumentar a herdabilidade de 0,10 para 0,70 ou 0,90 gerou resultados bem parecidos.

3.4 Limites de seleção

Os limites de seleção utilizando seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP, associado ao método de acasalamento ao acaso, utilizando herdabilidade real e herdabilidades aumentadas pode ser visualizado na figura 06.

Em todos os tratamentos houve redução nos limites de seleção. No entanto houve diferença entre o uso de herdabilidade real e herdabilidade aumentada.

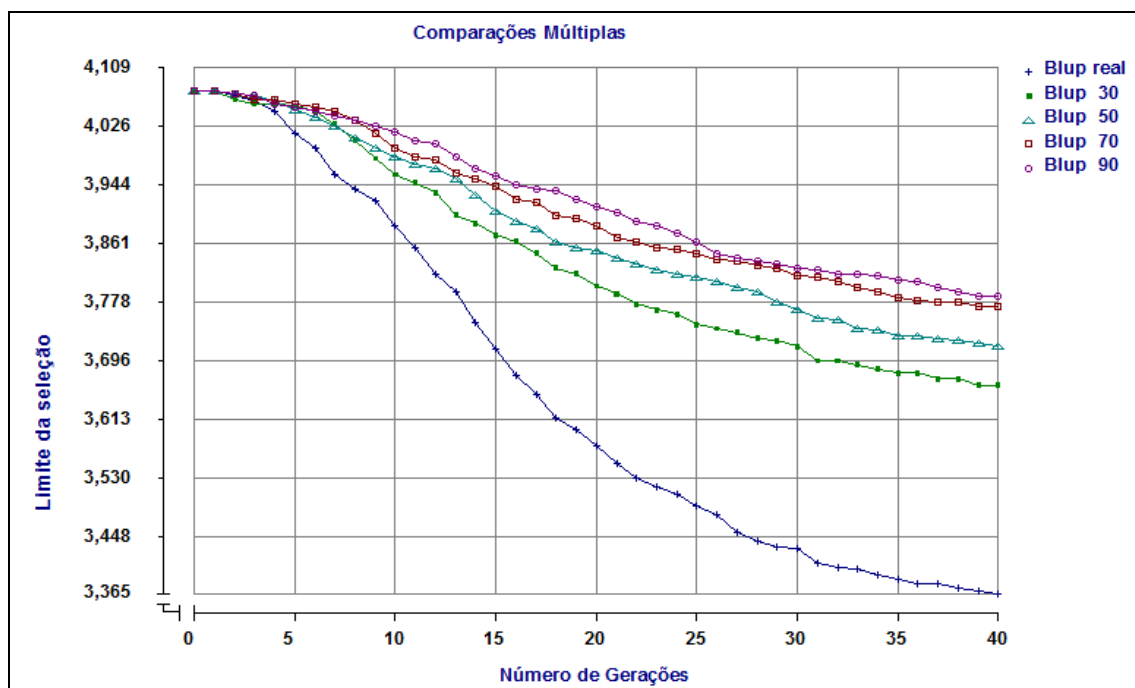


Figura 06 – Limites de seleção obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidades aumentadas, ao longo de 40 gerações.

Quanto mais aumentamos a herdabilidade menos houve redução nos limites de seleção. No entanto o aumento da herdabilidade de 0,10 para 0,30 gerou menos perda nos limites de seleção de forma mais significativa do que quando aumentamos os valores de herdabilidade acima deste valor. Fazendo com que a distância dos limites de seleção entre herdabilidades 0,10 – 0,30 fossem maiores do que 0,30 – 0,50 – 0,70 – 0,90.

3.5 Valor Fenotípico

Os valores fenotípicos utilizando seleção baseada nos valores genéticos obtidos através do BLUP, associado ao método de acasalamento ao acaso, utilizando herdabilidade real e herdabilidades aumentadas pode ser visualizado na figura 07.

Como era esperado ao se fazer seleção, houve incremento nos valores fenotípicos ao longo das 40 gerações. E assim como ocorreu com os parâmetros anteriores citados, o uso de herdabilidades aumentadas gerou resultados diferentes do uso de herdabilidade real.

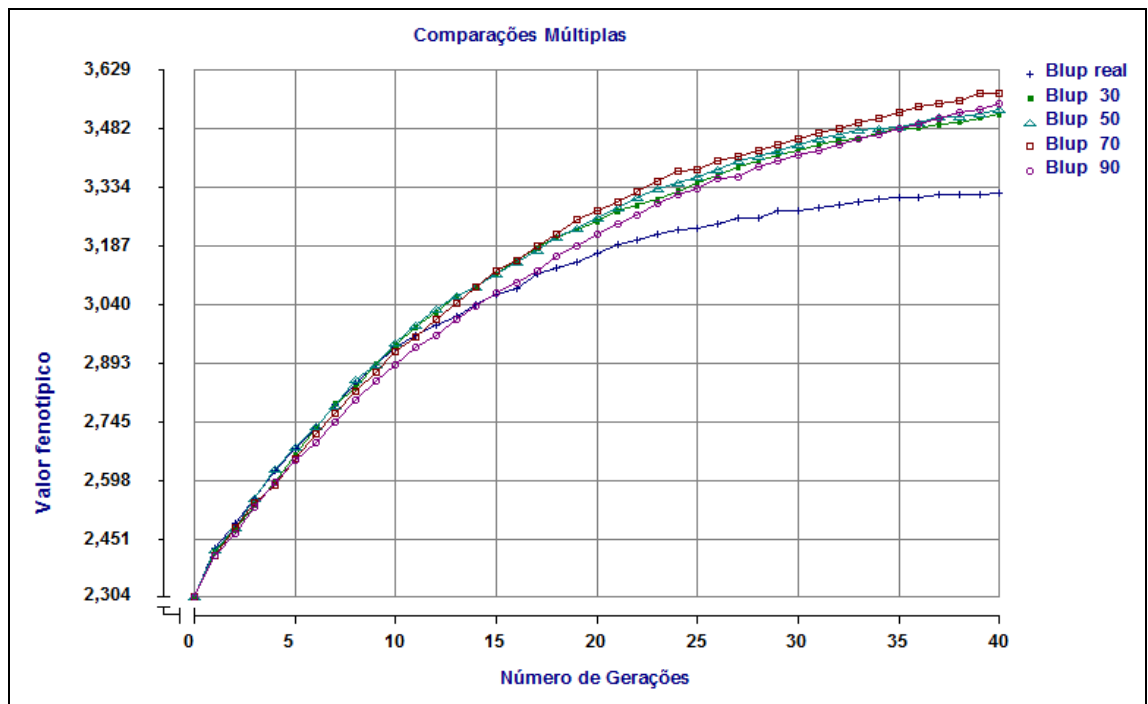


Figura 07 – Valores fenotípicos obtidos pela seleção baseada no BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidades aumentadas, ao longo de 40 gerações.

Anteriormente foi mostrado que o fato de se aumentar os valores de herdabilidades utilizados na seleção baseado no BLUP gerou diminuição nos incrementos de endogamia, redução na porcentagem de alelos desfavoráveis fixados e redução nas perdas de limites de seleção. Isso reflete nos valores fenotípicos, fazendo com que aumentar a herdabilidade durante o processo de predição dos valores genéticos gera maiores valores fenotípicos.

Resultado semelhante encontrado na literatura, Grundy et al. (1994) combinaram métodos de seleção e tipos de acasalamentos em seu estudo, avaliando, com destaque, o uso de herdabilidades aumentadas na seleção baseada no BLUP com uso do modelo animal, em associação ao acasalamento do tipo compensatório. O trabalho foi realizado com populações de diferentes razões sexuais (1, 3 e 6) submetidas a seleção por BLUP adotando modelo animal ao longo de 10 gerações, os autores constataram que a utilização de um valor

superestimado da herdabilidade (0,40) ao invés do valor verdadeiro (0,20) promoveu uma redução em torno de 25% da taxa de endogamia enquanto que a resposta média alcançada sofreu pequenas reduções.

Assim como ocorreu com os demais parâmetros avaliados, houve uma diferença maior quando aumentamos a herdabilidade de 0,10 para 0,30. Os resultados do procedimento de aumentar para 0,50, 0,70 e 0,90 são mais próximos. Isso nos dá a entender que a ponderação que se faz ao se mudar a herdabilidade, que era baixa (0,10) para um valor médio-alto (0,30), entre as informações individuais e de família são suficientes para gerar uma alteração maior na resposta a seleção. Daí em diante, aumentar o peso da informação individual não causa um impacto tão grande.

Ao se aumentar a herdabilidade, acima de seu valor verdadeiro, a variância do tamanho da família pode ser reduzida e o tamanho efetivo, aumentado (TORO e PEREZ-ENCISO, 1990; GRUNDY et al., 1994).

4 – Conclusão

A utilização de herdabilidades maiores que o valor verdadeiro foi um procedimento eficaz na redução dos incrementos de endogamia, na redução da fixação de alelos desfavoráveis e na redução da perda dos limites de seleção. Consequentemente, este procedimento também gerou maiores valores de fenotípicos.

5 – Referências Bibliográficas

- BREDA, F. C. Influência de populações selecionadas sobre a avaliação genética animal. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2003, 59p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- CARNEIRO, P. L. S. Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2002. 94 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- CUNHA, E. E. Avaliação de tipos de acasalamentos em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2001. 104 p. Tese (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2001.
- EUCLYDES, R.F. Uso do sistema para simulação GENESYS na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: UFV, 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento).
- FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, MG: UFV, 2. impressão, 1987. 279p.
- GRUNDY, B.; CABALLERO, A.; SANTIAGO, E. et al. A note on using biased parameter values and non-random mating to reduce rates of inbreeding in selection programmes. *Animal Production*, v.59, p.465-468, 1994.
- Luo, Z. W., J. A. Woolliams, and R. Thompson. 1995. Controlling inbreeding in dairy MOET nucleus schemes. *Anim. Sci.* 60:379-387.

- MEUWISSEN, T. H. E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetic, Selection and Evolution*, v. 24, p. 305-313, 1992.
- QUINTON, M., SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. *Journal of Animal Science*, v. 73, n. 8, p.2208-2212, 1995.
- TORO, M.A.; PÉREZ-ENCIZO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. *Genetic, Selection and Evolution*, v. 22: 93 – 107, 1990.
- Villanueva, B., J. A. Woolliams, and G. Simm. 1994. Strategies for controlling rates of inbreeding in MOET nucleus schemes for beef cattle. *Genet. Sel. Evol.* 26:517-535.
- WRIGHT, S. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurement of inbreeding and relationship. *J. Heedity*, v.14, p.339-348, 1923.

Conclusões Gerais

Em populações selecionadas utilizando BLUP, o acasalamento compensatório mostrou ser uma ferramenta eficaz no controle de endogamia a longo prazo.

O aumento no número de machos em acasalamentos aleatórios, acasalamento entre melhores reprodutores, método que exclui acasalamento entre MI e IC e acasalamento compensatório proporcionou aumento a longo prazo nos valores fenotípicos em consequência da redução na endogamia, nos limites de seleção e na porcentagem de alelos desfavoráveis fixados.

O fato de praticar ou não seleção em fêmeas utilizando os valores genéticos preditos pelo BLUP não muda a necessidade de se controlar os incrementos de endogamia.

Populações fechadas que não utilizam selecionar fêmeas também perdem variabilidade genética.

A utilização de herdabilidades maiores que o valor verdadeiro foi um procedimento eficaz na redução dos incrementos de endogamia, na redução da fixação de alelos desfavoráveis e na redução da perda dos limites de seleção. Consequentemente, este procedimento também gerou maiores valores de fenotípicos.