

GUSTAVO HENRIQUE DE SOUZA

**AVALIAÇÃO DE BIOTECNOLOGIAS REPRODUTIVAS EM
PROGRAMAS DE MELHORAMENTO UTILIZANDO
SIMULAÇÃO DE DADOS**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2008

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

T

S729a
2008

Souza, Gustavo Henrique de, 1977-

Avaliação de biotecnologias reprodutivas em programas de melhoramento utilizando simulação de dados / Gustavo Henrique de Souza. – Viçosa, MG, 2008. ix, 46f.: il. (algumas col.) ; 29cm.

Orientador: Robledo de Almeida Torres.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 42-46.

1. Bovino - Melhoramento genético. 2. Bovino - Transferência de embriões. 3. Simulação (Computadores). 4. Bovino - Seleção. 5. Genética animal. 6. Endogamia. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 22.ed. 636.20821

GUSTAVO HENRIQUE DE SOUZA

**AVALIAÇÃO DE BIOTECNOLOGIAS REPRODUTIVAS EM
PROGRAMAS DE MELHORAMENTO UTILIZANDO
SIMULAÇÃO DE DADOS**

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

APROVADA: 27 de fevereiro de 2008.

Prof. Ricardo Frederico Euclides
(Co-orientador)

Marcelo Silva de Freitas

Prof^a. Rachel Santos Bueno

Prof. Antonio Policarpo Souza Carneiro

Prof. Robledo de Almeida Torres
(Orientador)

DEDICO
A meus pais
José Onício e Maria do Carmo

AGRADECIMENTOS

A Deus.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

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

Ao Professor Robledo de Almeida Torres, pelo exemplo de educador, pela orientação, pela paciência, pelos ensinamentos, pela confiança, apoio e amizade.

Ao Professor Ricardo Frederico Euclides pela criação e fornecimento do programa GENESYS, pela colaboração, sugestões e participação no exame de defesa de tese.

A amiga Professora Rachel Santos Bueno, pela colaboração, sugestões e participação no exame de defesa de tese.

Ao Professor Antonio Policarpo Souza Carneiro, pela colaboração, sugestões e participação no exame de defesa de tese.

Ao Dr. Marcelo Silva de Freitas, pela amizade, pela colaboração, sugestões e participação no exame de defesa de tese.

Aos meus pais e irmãos por me apoiarem em todos os momentos, de forma incondicional.

A Michelle Fernandes Guimarães, pelo apoio pelo carinho, pela formação especial que me faz sentir amado.

Aos demais familiares, amigos e colegas de pós-graduação da UFV, pela amizade e excelente convivência.

BIOGRAFIA

Gustavo Henrique de Souza, filho de José Onício de Souza e Maria do Carmo Oliveira de Souza, natural de Viçosa, Minas Gerais, nasceu em 29 de novembro de 1977.

Em fevereiro de 1996, iniciou o curso de Zootecnia na Universidade Federal de Viçosa e, no período de agosto de 1997 a julho de 2000, foi bolsista de Iniciação Científica pelo Pibic/CNPq, na área de melhoramento animal, sob a orientação dos professores Ricardo Frederico Euclides e Robledo de Almeida Torres, ambos do Departamento de Zootecnia.

Em março de 2001, graduou-se em Zootecnia pela Universidade Federal de Viçosa.

Em abril de 2001, iniciou o curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa. E em 26 de fevereiro de 2003, submeteu-se ao exame final de defesa de tese para obtenção do título de Magister Scientiae em Genética e Melhoramento, pela Universidade Federal de Viçosa.

Em março de 2003, iniciou o Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa.

Em 27 de fevereiro de 2008, submeteu-se ao exame final de defesa de tese.

SUMÁRIO

RESUMO.....	vi
ABSTRACT.....	viii
INTRODUÇÃO.....	01
REVISÃO DE LITERATURA.....	04
Transferência de Embriões.....	04
Seleção em núcleos MOET.....	09
População idealizada e tamanho efetivo da população.....	11
Coeficiente de endogamia.....	14
MATERIAL E MÉTODOS.....	19
Simulação de dados.....	19
Simulação do genoma.....	20
Populações Simuladas.....	20
Tipos de populações.....	21
Parâmetros avaliados.....	23
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
Valor fenotípico.....	25
Endogamia Média.....	31
Variância genética	37
CONCLUSÕES.....	42
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	43

RESUMO

SOUZA, Gustavo Henrique de, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2008. **Avaliação de biotecnologias reprodutivas em programas de melhoramento utilizando simulação de dados.** Orientador: Robledo de Almeida Torres. Co-orientadores: Ricardo Frederico Euclides e Paulo Sávio Lopes.

O objetivo nesse estudo foi testar a superioridade da aplicação da biotecnologia de múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) no melhoramento genético de bovinos, em um intervalo de tempo definido, bem como testar a vantagem de aumentar o número de descendentes por acasalamento com conseqüente aumento na intensidade de seleção de reprodutores. Para isto, utilizou-se o programa de simulação GENESYS. Para a comparação da eficiência da utilização de transferência de embrião, foram consideradas duas situações. A situação clássica ou tradicional (N0) em que uma vaca é acasalada com um touro gerando um descendente por ano, sendo necessário um intervalo de 7 anos para o nascimento de cinco filhos (primeiro parto aos 3 anos e intervalo de partos de 12 meses). Uma outra situação seria a utilização das técnicas de múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) em que o intervalo para uma vaca deixar no mínimo 5 descendentes seria de apenas 3 anos. Assim, ao final de 42 anos, o número de gerações de acasalamento e de seleção seria 6 e 14 considerando a situação clássica e MOET, respectivamente. Também foi avaliada a possibilidade de aumentar o número de descendentes por acasalamento de reprodutores utilizando MOET (N1, N2, N3, N4 para 5, 10, 15 e 25 descendentes, respectivamente) com conseqüente redução no número de vacas selecionadas. Comparando a eficiência da aplicação da biotecnologia da reprodução com a utilização da múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) em relação ao método tradicional considerando o mesmo número de descendentes, observa-se ao final de 42 anos que a aplicação da biotecnologia da reprodução resultou em um valor fenotípico médio 27,05% superior ao método tradicional

(305,47±5,84 versus 240,43±4,67) com um ganho genético anual com taxa 90,63% maior (3,26±0,14 versus 1,71±0,11) em relação ao método tradicional. Os valores fenotípicos médios foram de 305,47±5,84 para N1; de 313,22±4,62 para N2; de 316,14±4,03 para N3; e de 313,44±2,80 para N4. Observa-se que com aumento do número de descendentes por casal de reprodutores (N1 a N4) houve um aumento do valor fenotípico médio aos 42 anos de seleção até as populações N3. A endogamia média considerando o método tradicional foi de 0,06±0,03, e com a aplicação da técnica de múltipla ovulação e transferência de embrião o valor da endogamia média foi de 0,18±0,08. Assim, a aplicação da transferência de embrião foi responsável por um aumento de 200,79% na endogamia ao longo de 42 anos. A aplicação da transferência de embrião resultou em um valor da variância genética aditiva média 59,63% inferior ao método tradicional (51,23±12,39 versus 126,91±12,60), com uma redução no valor da variância genética aditiva anual média com taxa 108,21% maior (3,47±0,36 versus 1,66±0,30) em relação ao método tradicional. O uso da múltipla ovulação e transferência de embrião aumentou o valor fenotípico e a endogamia com redução na variância genética aditiva. Dependendo do tamanho da população, poderia ser utilizado o MOET com 5 a 10 descendentes por casal de reprodutores.

ABSTRACT

SOUZA, Gustavo Henrique de, D. Sc., Universidade Federal de Viçosa, february 2008. **Evaluation of reproductive biotechnologies in breeding programs using simulated data.** Adviser: Robledo de Almeida Torres. Co-advisers: Ricardo Frederico Euclides and Paulo Sávio Lopes.

The aim in this study was to test the superiority of the application of multiple ovulation and embryo transfer biotechnologies on bovines breeding, in a defined time interval, as well as testing the advantage of increasing the number of descendents by mating followed by increasing the selection intensity of sires. For the simulations the software GENESYS, was used in this study. Two situations were considered to compare the efficiency on formation of breeding population. On the classic or traditional situation, a cow is mated with one sire generating one descendent by year, being necessary a seven year interval to the birth of five offsprings (first calving at three years old and calving interval of 12 months). Another situation would be the use of multiple ovulation and embryo transfer (MOET) techniques where the interval for the cow to calve at least five descendents would be only three years. Therefore, after 42 years the number of mating generations and selection would be 6 and 14 considering classical and MOET situations, respectively. The possibility of increasing the number of descendents by mating of sires using MOET (N1, N2, N3, N4 to 5, 10, 15 and 25 descendents respectively), and as a result, the decreasing of the number of selected cows were also evaluated. The efficiency of the application of the reproduction biotechnology multiple ovulation and embryo transfer (MOET) application compared to the traditional method considering the same number of descendents in the end of 42 years showed that the application of the reproduction biotechnology resulted in an average phenotypic value 27.05% higher than the traditional method ($305.47 \pm 5.84 \times 240.43 \pm 4.67$) with an annual genetic gain rate 90.63% higher ($3.26 \pm 0.14 \times 1.71 \pm 0.11$) than to the traditional method. Average phenotypic values were 305.47 ± 5.84 , 313.22 ± 4.62 , 316.14 ± 4.03 and 313.44 ± 2.80 to N1, N2, N3 and

N4, respectively. By increasing the number of descendents by couple (N1 to N4) it was observed an increase on average phenotypic value on 42 years until populations N3. From N3 the average phenotypic value has decreased. The average inbreeding considering the traditional method was 0.06 ± 0.03 while MOET value was 0.18 ± 0.08 . Thus, the application of the reproduction biotechnology was responsible for 200.79% of the inbreeding increase along 42 years. This resulted in an average additive genetic variance 59.63% lower than the traditional method (51.23 ± 12.39 x 126.91 ± 12.60) with a reduction rate of the annual average additive genetic variance 108.21% higher (3.47 ± 0.36 x 1.66 ± 0.30) than to the traditional method. MOET application increased the phenotypic value and inbreeding, with reduction on additive genetic variance. MOET could use 5 to 10 descendents by couple depending on population size.

INTRODUÇÃO

O processo do melhoramento genético é uma arte milenar, acompanhando a humanidade desde suas primeiras incursões na domesticação dos animais na busca de alimentos básicos para seu próprio sustento. Os novos rumos da economia mundial provocam, com frequência, grandes mudanças nos setores produtivos. Para se adaptar a esta dinâmica, várias metodologias de melhoramento genético têm sido desenvolvidas ao longo dos anos visando a melhorar a acurácia na identificação de animais geneticamente superiores, bem como tecnologias capazes de maximizar a produtividade com a melhor relação custo/benefício.

Dentre as biotecnologias reprodutivas disponíveis, a que provocou notáveis ganhos genéticos no melhoramento de bovinos foi a inseminação artificial (IA). Esta biotécnica é a mais difundida para a reprodução e multiplicação dos genótipos, a de mais fácil domínio em nosso meio e a que provoca maior impacto em termos de melhoramento.

Outra técnica reprodutiva de impacto favorável no melhoramento é a transferência de embriões (TE). A transferência de embriões (TE) é uma biotécnica que permite recolher embriões de uma fêmea doadora, transferindo-os para fêmeas receptoras que levarão a gestação a termo. A importância básica da TE para a produção animal consiste na possibilidade de uma fêmea produzir um número muito superior de descendentes do que seria possível obter fisiologicamente durante sua vida reprodutiva.

Segundo PEREIRA (2001), a TE teve seu ápice na década de 70, tendo exercido forte impacto nos programas de melhoramento animal dos países desenvolvidos. No Brasil, tornou-se mais conhecida na década de 80, iniciada pelas centrais de inseminação artificial e alguns criadores de elite. As transferências de embriões envolvem vantagens para o melhoramento genético na pecuária, principalmente devido ao aumento da taxa reprodutiva das fêmeas e à maior intensidade de sua seleção. Por outro lado, apresenta a desvantagem do aumento da consangüinidade do rebanho e redução da variabilidade genética. Trata-se de uma importante ferramenta para o melhoramento zootécnico, pois acelera e confere maior precisão ao processo de seleção animal. Neste sentido, a TE apresenta-se como uma biotécnica de grande potencial para a seleção e a proliferação de animais geneticamente superiores, visto que, em bovinos, dos aproximadamente 200.000 ovócitos primários presentes no ovário de uma fêmea no momento de seu nascimento, pouquíssimos resultam naturalmente em uma cria, principalmente devido a limitações de caráter biológico, tais como: intervalo prolongado de partos; gestações simples, raramente gemelares; e fatores ambientais, nutricionais, sanitários e econômicos, (BARUSELLI et al., 2000). Além da utilização em programas convencionais de melhoramento animal, a TE pode ser empregada em programas MOET (Multiple Ovulation and Embryo Transfer).

Muitos esforços têm sido concentrados na busca de alternativas que possibilitem maximizar a taxa de resposta à seleção no melhoramento genético do rebanho leiteiro nacional adaptado às condições tropicais. Dentre elas, encontram-se os núcleos de melhoramento genético, que consistem em rebanhos estabelecidos a partir de animais geneticamente superiores de uma determinada raça, nos quais os esforços de teste e a seleção de animais para uma ou mais características de interesse estariam concentrados. Os núcleos de melhoramento, segundo SMITH (1960), têm apresentado boas perspectivas para a obtenção de animais melhoradores.

De acordo com HINKS (1978), os núcleos de melhoramento surgiram da necessidade de procedimentos alternativos que suportassem as mudanças

nas condições de produção e mercado, promovessem auto-suficiência nos países com pouca infra-estrutura para executar programas de melhoramento eficazes e extensos e assegurassem controle mais direto dos fatores determinantes da mudança genética. Tais núcleos foram inicialmente sugeridos por LAND & HILL (1975) para bovinos de corte. NICHOLAS & SMITH (1983) sugeriram-nos para bovinos de leite, na expectativa de que causariam grande impacto sobre o ganho genético do rebanho, tanto quanto aqueles causados por esquemas convencionais baseados em testes de progênie. O salto genético de sua utilização resulta da superioridade do mérito genético dos animais componentes do núcleo em relação à população como um todo.

A técnica permite ainda a formação de famílias de irmãos, avaliação dos touros com base nas informações de pedigree e a principal que é o uso precoce na reprodução dos animais superiores, encurtando, assim, o intervalo de gerações.

Diversos fatores foram apontados como causas de variação no ganho genético e na taxa de endogamia nesses esquemas e, portanto, vêm sendo estudados para auxiliar na definição de alternativas de seleção em núcleos MOET.

O objetivo nesse trabalho foi testar a superioridade da aplicação da biotecnologia de múltipla ovulação e transferência de embrião no melhoramento genético de bovinos, considerando uma única característica de média herdabilidade, em um intervalo de tempo definido, em uma população fechada, considerando o nascimento de 3000 indivíduos por geração, bem como testar a vantagem de aumentar o número de descendentes por acasalamento com conseqüente aumento na intensidade de seleção de reprodutores.

REVISÃO DE LITERATURA

Transferência de Embriões

A transferência de embriões (TE) é uma biotécnica que permite recolher embriões de uma fêmea doadora, transferindo-os para fêmeas receptoras que levarão a gestação a termo. Apesar da necessidade da utilização de procedimentos sofisticados para a implantação de um programa de TE, trata-se de uma técnica mundialmente difundida. O primeiro registro de transferência de embriões, atribuído a Walter Heape, foi registrado em 1891, em coelhos. Em bovinos, a primeira TE foi realizada somente em 1951. A TE teve grande expansão a partir da década de 70 com a criação da IETS (International Embryo Transfer Society) no Colorado - EUA. No Brasil, somente a partir da década de 80 é que esta técnica foi realmente difundida, principalmente depois da criação, em 1985, da SBTE (Sociedade Brasileira de Transferência de Embriões), atualmente chamada de Sociedade Brasileira de Tecnologia de Embriões.

No caso dos bovinos, a coleta e a transferência de embriões vêm sendo usadas comercialmente a partir da década de 90 e a tendência é aumentar consideravelmente, principalmente com o aprimoramento das transferências não cirúrgicas, amplamente utilizadas nos países de tecnologia mais avançada. As transferências de embriões envolvem cinco passos básicos:

1. Observação dos cios nas doadoras;

2. Superovulação nas doadoras;
3. Fertilização do óvulo;
4. Coleta dos embriões; e
5. Transferência dos embriões para as receptoras.

A sincronização do estro entre doadora e receptora é um dos principais pontos no esquema de transferências de embriões. O sucesso está, em grande parte, associado à eficiência da sincronização. O método de superovulação tem sido, até o presente, o fator mais limitante.

A importância básica da TE para a produção animal consiste na possibilidade de uma fêmea produzir um número de descendentes muito superior ao que seria possível obter fisiologicamente durante sua vida reprodutiva. Segundo PEREIRA (2001), as transferências de embriões envolvem vantagens e desvantagens que devem ser criteriosamente avaliadas.

Vantagens da TE:

1. Aumento da taxa reprodutiva das fêmeas, evidente principalmente nas espécies uníparas. Uma vaca, por exemplo, produz durante sua vida útil de 4-6 produtos. Com o uso da técnica de transferência, ela pode produzir de 40-50 produtos. Em condições naturais, a contribuição da vaca dentro do melhoramento genético do rebanho está limitada a uma progênie de, no máximo, quatro bezerros, na atualidade brasileira. Um aumento significativo da progênie, pela transferência de embriões, permitirá maior difusão dos genótipos de vacas superiores, aumentando assim a contribuição antes limitada apenas aos reprodutores;

2. Permite maior intensidade de seleção das fêmeas, o que está relacionado com as razões expostas no item 1. Cabe aqui ressaltar que a elevação dos ganhos genéticos está relacionada com a herdabilidade da característica, com a intensidade de seleção e com o intervalo de gerações. Este último pode, também, ser sensivelmente reduzido;

Para ilustrar estas duas vantagens, considerem-se vacas que produzem, em média, 4 bezerros durante sua vida útil. Neste caso, em um rebanho de 100 vacas, em que a taxa de substituição anual será de 25%, serão necessárias 25 novilhas de reposição anualmente. Supondo-se a fertilidade de 85% (demasiadamente alta para a média do rebanho bovino brasileiro) e razão de sexos de 50%, significa que 59% de todas as vacas são necessárias como mães de novilhas de reposição ($59 \text{ vacas} \times 85\% \text{ fertilidade} = 50,15 \text{ produtos}$, dos quais 25 serão as fêmeas de reposição necessárias para a manutenção do rebanho). Se o número de descendentes por vaca passar de 4 para 8, pela transferência de embriões apenas 29,5% das vacas selecionadas como mães das novilhas de reposição serão necessárias ao plantel. Isto reduz o número de mães de novilhas de reposição necessárias para a manutenção da população, com reflexos econômicos importantes na criação.

3. Permite a rápida expansão de estoques genéticos raros. Este aspecto é relevante pela possibilidade de multiplicar genótipos raros ou em extinção ou trocar material genético por meio do uso de raças exóticas, inexistentes no país, permitindo um intercâmbio muitas vezes valioso;

4. Permite conduzir experimentos de genética pela utilização do mesmo material genético em ambientes diferentes e avaliar seus efeitos sobre o desempenho dos animais. Avaliar a possível existência de interações genótipo-ambiente; e

5. Permite investigar as exigências necessárias para boa fertilidade e desenvolvimento normal dos embriões, bem como isolar os efeitos maternos pré-natais.

Essas vantagens podem ser aumentadas pela seleção criteriosa das vacas usadas como doadoras. Estas vacas devem apresentar ciclos estrais regulares em uma idade mais jovem; não apresentar mais de dois serviços por concepção; devem ter performance individual superior para as características econômicas; apresentar desempenho produtivo acima da média da descendência de acasalamentos prévios com o mesmo reprodutor; e não apresentar dificuldades de parição ou irregularidades reprodutivas.

Desvantagens da TE:

A transferência de embriões não é uma panacéia. Algumas desvantagens merecem ser apontadas para reflexão:

1. Alto custo da técnica: o benefício da transferência de embriões deve ser populacional e não limitado a um pequeno número de criadores. Dadas as exigências técnicas mais refinadas para sua execução, seu custo deverá ser elevado, limitando a faixa socioeconômica do criador com acesso à biotécnica.

2. Aumento da incidência de gêmeos: a incidência de gêmeos é variável. Há marcadas diferenças devido a raças. A Holandês apresenta incidência mais alta do que as raças inglesas tradicionais de corte. Na raça Holandês, os gêmeos ocorrem na proporção de 0,5-1,0% no primeiro parto e de 2,0-4,0% em vacas mais velhas. A herdabilidade e a repetibilidade apresentam valores baixos, 4% e 6%, respectivamente. A conseqüência lógica da transferência é o aumento de gêmeos no rebanho. Para muitos criadores, o fato gera complicações de manejo do rebanho, maiores taxas de eliminação de vacas, bezerras de menores taxas de crescimento e de qualidade inferior. Em condições naturais, a ocorrência de gêmeos em gado de leite tem sido associada a aumentos de distocia, natimortos, retenção de placenta, mortalidade mais alta etc.

3. Aumento da consangüinidade do rebanho: ocorre, principalmente, se a transferência for realizada em populações pequenas. Deve-se usar o maior número possível de reprodutores diferentes e, preferencialmente, em populações maiores.

4. Propagação de problemas genéticos: ocorre quando a doadora é portadora de defeitos genéticos que podem ser multiplicados na população em função do aumento de sua taxa reprodutiva

5. Dificuldades de natureza técnica: a transferência exige superovulação das vacas doadoras por meio de aplicações hormonais. A variação na resposta à superovulação é problema freqüente. A superovulação tende a declinar com injeções repetidas de hormônios devido ao desenvolvimento, em parte, de

antigonadotropinas. Esta inibição não pode ser evitada com o aumento da dosagem do hormônio, limitando-se o uso repetido de doadoras.

A TE fornece base técnica para realizar a implementação de biotécnicas afins, como a produção de clones e de animais transgênicos, além da bipartição embrionária, sexagem de embriões, análise do genoma e criopreservação de embriões. Trata-se de uma importante ferramenta para o melhoramento zootécnico, pois acelera e confere maior precisão ao processo de seleção animal. Neste sentido, a TE apresenta-se como uma biotécnica de grande potencial para a seleção e a proliferação de animais geneticamente superiores, visto que, em bovinos, dos aproximadamente 200.000 ovócitos primários presentes no ovário de uma fêmea no momento de seu nascimento, o pouquíssimos resultam naturalmente numa cria, principalmente devido a limitações de caráter biológico, tais como: intervalo prolongado de partos; gestações simples, raramente gemelares; e fatores ambientais, nutricionais, sanitários e econômicos, (BARUSELLI et al., 2000).

Além da utilização em programas convencionais de melhoramento animal, a TE pode ser empregada em programas MOET (Multiple Ovulation and Embryo Transfer). O termo MOET é adotado para programas de melhoramento em núcleos formados por animais selecionados de diferentes populações e que possuam perfil genético privilegiado. Outra característica importante desses programas é a utilização exclusiva da TE e de biotécnicas afins como um instrumento central que propicia aumento do índice reprodutivo. Além disso, as provas de rendimento de desempenho e de produção são realizadas no próprio núcleo.

A TE é a técnica mais utilizada em todo o mundo para multiplicar animais de alto valor genético (BÓ, 2000). Entretanto, verifica-se, no emprego desta biotecnologia, a necessidade de iniciar o tratamento superestimulatório em um momento determinado do ciclo estral. A baixa consistência da produção de embriões viáveis por doadora e o fato de que 20 a 30% das doadoras não produzem nenhum embrião transferível demonstram a grande

variabilidade nas respostas aos tratamentos hormonais, o que pode ser influenciado por fatores relacionados aos tratamentos ou, na maioria das vezes, por fatores individuais associados às características da dinâmica folicular.

Seleção em núcleos MOET

Muitos esforços têm sido concentrados na busca de alternativas que possibilitem maximizar a taxa de resposta à seleção no melhoramento genético do rebanho leiteiro nacional adaptado às condições tropicais. Dentre elas, encontram-se os núcleos de melhoramento genético, que consistem em rebanhos estabelecidos a partir de animais geneticamente superiores de uma determinada raça, nos quais os esforços de teste e a seleção de animais para uma ou mais características de interesse estariam concentrados. Os núcleos de melhoramento, segundo SMITH (1960), têm apresentado boas perspectivas para obtenção de animais melhoradores.

De acordo com HINKS (1978), os núcleos de melhoramento surgiram da necessidade de procedimentos alternativos que suportassem as mudanças nas condições de produção e mercado, promovessem auto-suficiência nos países com pouca infra-estrutura para executar programas de melhoramentos eficazes e extensos e assegurassem controle mais direto dos fatores determinantes da mudança genética. Os núcleos vêm sendo utilizados há vários anos para o melhoramento genético de suínos, ovinos e bovinos (HINKS, 1978) e, segundo o autor, seu mérito constitui alternativa de melhoramento genético. Entretanto, foi a partir do desenvolvimento da técnica de ovulação múltipla e da transferência de embriões (MOET) que seu potencial pôde ser definido (NICHOLAS & SMITH, 1983; SEIDEL Jr., 1984). Tais núcleos foram inicialmente sugeridos por LAND & HILL (1975) para bovinos de corte. NICHOLAS & SMITH (1983) sugeriram-nos para bovinos de leite, na expectativa de que causariam grande impacto sobre o

ganho genético do rebanho, tanto quanto aqueles causados por esquemas convencionais baseados em testes de progênie. O salto genético de sua utilização resulta da superioridade do mérito genético dos animais componentes do núcleo em relação à população como um todo. A técnica permite ainda a formação de famílias de irmãos, avaliação dos touros com base nas informações de pedigree e a principal que é o uso precoce na reprodução dos animais superiores, encurtando, assim, o intervalo de gerações.

Os núcleos MOET de melhoramento consistem em rebanhos que utilizam a técnica de ovulação múltipla seguida de transferência de embriões para constituir, rapidamente, amplas famílias de irmãos completos e meios-irmãos a serem avaliadas quanto ao mérito genético. A seleção nos núcleos, segundo NICHOLAS e SMITH (1983), baseia-se nos índices de família, nos quais estão combinadas as informações dos ancestrais (pais e avós) e dos colaterais (irmãos completos e meios-irmãos). Assim, o intervalo de gerações seria reduzido, e a taxa de progresso genético seria aumentada, compensando a menor acurácia da seleção com base no índice de família em relação à seleção com base no teste de progênie, principalmente se as herdabilidades para as características sob seleção forem baixas (SMITH, 1988; FALCONER, 1987; RUANE, 1991).

Os esquemas de melhoramento em núcleos MOET vêm, desde então, sendo bastante estudados, e alguns já foram implantados na Inglaterra, França, Dinamarca (RUANE, 1988) e no Brasil (PENNA et al., 1998). Apesar dos poucos resultados práticos, os resultados teóricos têm se mostrado bastante promissores (RUANE e THOMPSON, 1991; STRANDÉN et al., 1991). O salto genético inicial, devido à seleção de animais para constituir a população base, é considerado, no entanto, o principal responsável pela superioridade no mérito genético na população do núcleo (WOOLLIAMS e WILMUT, 1989; RUANE e THOMPSON, 1991).

Alguns autores alertaram para o fato de que a utilização das informações de família para seleção de animais melhoradores, aliada ao pequeno tamanho do núcleo, reduz o tamanho efetivo da população, pois

aumenta a probabilidade de seleção de indivíduos de uma mesma família, podendo levar ao acréscimo no coeficiente médio de endogamia da população (WOOLLIAMS, 1989; KELLER et al., 1990; TORO et al., 1991). Segundo KELLER et al. (1990), o aumento no coeficiente de endogamia será tanto maior, quanto maiores a herdabilidade da característica e a intensidade da seleção aplicada.

Diversos fatores foram apontados como causas de variação no ganho genético e na taxa de endogamia nesses esquemas e, portanto, vêm sendo estudados para auxiliar na definição de alternativas de seleção em núcleos MOET (NICHOLAS e SMITH, 1983; WOOLLIAMS e WILMUT, 1989; RUANE e THOMPSON, 1991).

População idealizada e tamanho efetivo da população

A discussão sobre a oscilação genética em populações sob acasalamento ao acaso é muito vasta e específica numa população ideal com um número de condições restritivas em relação à estrutura de acasalamento das populações, que dificilmente são encontradas em populações animais reais. Conclusões mais próximas da realidade, no estudo do processo dispersivo, podem ser obtidas pela substituição do número de indivíduos que se acasalam, que na população ideal deve ser o mesmo em todas as linhas e em todas as gerações, pelo tamanho efetivo da população (FALCONER, 1987). A descrição do processo dispersivo por meio da variância da frequência gênica ou da taxa de consangüinidade é feita transformando-se o número observado de indivíduos que se acasalam em número efetivo, também chamado de tamanho efetivo da população (FALCONER, 1987).

Segundo CABALLERO (1994), a forma pela qual o processo dispersivo pode ser estudado, da maneira mais simples possível, pode ser encontrada em “*Wright-Fisher idealized population*” (Fisher, 1930, Wright, 1931). O tamanho efetivo da população é um parâmetro chave no processo

evolutivo e na genética quantitativa, pois fornece uma medida da taxa de oscilação genética e da consangüinidade de uma população. Na 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 com a qual o pai contribui será geralmente maior que na população idealizada, e o tamanho efetivo da população será menor que o número de indivíduos reprodutores (CABALLERO, 1994).

Várias situações podem reduzir o tamanho efetivo das populações, entre elas podem-se citar: número diferente de machos e fêmeas por geração, número desigual de indivíduos em gerações sucessivas e distribuição não ao acaso do tamanho da família (FALCONER, 1987, SILVA, 1993, CABALLERO, 1994).

Segundo MUIR (2000), entre os principais fatores que afetam a resposta à seleção, além do tamanho efetivo da população, estão a acurácia da seleção e sua intensidade. Frequentemente, a teoria indica que a resposta ótima à seleção pode ser obtida maximizando estes fatores. Infelizmente, com limitados recursos, nem todos os fatores podem ser maximizados simultaneamente. Por exemplo, incremento na intensidade de seleção provoca decréscimo no tamanho efetivo da população e resulta em decréscimos na resposta à seleção. Similarmente, incremento na acurácia da seleção pelo uso de índices de família ou BLUP também reduz o tamanho efetivo da população e resulta em um incremento mais rápido na taxa de consangüinidade (QUINTON et al., 1992; QUINTON e SMITH, 1995).

Além do efeito da amostragem, as diferenças entre pais, quanto às suas contribuições, podem ser devidas a causas herdadas ou não-herdadas, com impactos diferenciados sobre o tamanho efetivo. Quando causas de variação são herdadas, as mudanças nas frequências gênicas são correlacionadas ao longo das gerações, visto que uma fração da vantagem seletiva dos indivíduos permanece nos descendentes com o passar das gerações (CABALLERO, 1994).

WRAY e THOMPSON (1990) predisseram, por meio de uma equação considerando o conceito de vantagem seletiva em populações com estruturas de acasalamento hierárquico selecionadas pela seleção individual, o tamanho efetivo de uma população, expresso como uma função da média e da variância das contribuições dos ancestrais aos descendentes, a partir da primeira geração de seleção. Segundo esses autores, após várias gerações de seleção, as contribuições, em longo prazo, de genes a partir de um ancestral se estabilizam e são as mesmas para todos os indivíduos na população, com valores diferindo entre os ancestrais.

Também WOOLLIAMS et al. (1993) e WRAY et al. (1994), trabalhando com o modelo infinitesimal, derivaram equações para prever médias e variâncias das contribuições dos ancestrais aos descendentes, em acasalamentos ao acaso dos pais selecionados.

BIJMA e WOOLLIAMS (2000) estudaram predições para a taxa de endogamia em populações com gerações discretas e selecionadas por meio do BLUP do valor genético de seus indivíduos. Suas predições foram baseadas no conceito de contribuições genéticas dos ancestrais em longo prazo, utilizando um modelo linear e outro quadrático.

AGGREY et al. (1995), ao estudar o tamanho efetivo de populações em seleção, ressaltaram que a resposta genética referente a uma única característica quantitativa depende, principalmente, desse parâmetro. Em curto prazo, observam-se sua influência sobre o diferencial de seleção, a depressão por endogamia e a redução na variância genética devido à oscilação. Em longo

prazo, o tamanho efetivo afeta os limites da seleção e a utilização de nova variação a partir de mutações.

DEKKERS (1992) chamou atenção para o fato de que, apesar de as respostas à seleção frequentemente serem preditas com base em parâmetros populacionais, isso seria válido apenas para a primeira geração, pois a seleção reduz a variância genética aditiva, mesmo em curto prazo, por induzir o desequilíbrio de ligação em fase gamética, ou “efeito Bulmer” (BULMER, 1971), resultado do surgimento de covariâncias entre *loci* afetando a característica.

Ainda WEI et al. (1996) ressaltaram que a resposta à seleção, em longo prazo e numa população finita, deve considerar fatores como a oscilação genética, o desequilíbrio gamético, a variância mutacional e o tamanho efetivo da população. Esses fatores, por sua vez, dependem da característica, da estrutura da população e da estratégia de seleção.

Coefficiente de endogamia

O coeficiente de endogamia (F) é a probabilidade de dois alelos de um gene, num indivíduo, serem idênticos por ascendência, isto é, serem ambos originados da replicação de um único alelo em algum ancestral comum.

Em termos de probabilidade, este coeficiente quantifica a autozigosidade relativa àquela em alguma população ancestral, não necessariamente remota em relação à população considerada, que seja não-endogâmica ($F = 0$).

MEUWISSEN e WOOLLIAMS (1994) definiram como efeitos detrimentais da endogamia: (1) a redução da variância genética aditiva, o que reduz as taxas de respostas, e os limites da seleção, tanto em relação à(s) característica(s) considerada(s) na seleção como a outras características; (2) a depressão causada pela endogamia na característica considerada na seleção,

quando os efeitos genéticos são não-aditivos; e (3) a depressão causada pela endogamia na adaptação do animal. KELLER et al. (1990) investigaram a importância de diferentes fatores afetando a resposta à seleção numa linha fechada e mostraram que a depressão por endogamia poderia ser o principal fator na redução da resposta genética à seleção.

FALCONER (1987) ressaltou que muitas características de produção, como a taxa de crescimento e a eficiência alimentar, não apresentam alto grau de depressão por endogamia, de forma que a depressão não seria um fator tão importante para esses tipos de característica. Pelo contrário, a adaptação, uma combinação de características de sobrevivência e reprodução, geralmente não é submetida à seleção diretamente, devido às suas baixas herdabilidades, mas tem, entretanto, grande importância econômica sendo muito influenciada pela depressão por endogamia (Beilharz, 1982 e Wiener et al., 1992c, citados por MEUWISSEN e WOOLLIAMS, 1994). Assim, em médio prazo, a restrição mais rigorosa à taxa de endogamia seria imposta pela depressão endogâmica na adaptação.

Com relação às populações de animais domésticos, a adaptação pode ser reduzida em função de uma resposta negativamente correlacionada à seleção artificial e, de outra forma, pode aumentar devido à seleção natural.

Ainda MEUWISSEN e WOOLLIAMS (1994), ao estudar o tamanho efetivo crítico de população, para o qual o decréscimo na adaptação devido à depressão por endogamia e seu aumento devido à seleção natural se contrabalançam, concluíram que deveria ser evitada correlação negativa entre seleção artificial e natural. Esses autores afirmaram também que os tamanhos efetivos para prevenir declínio na adaptação são, geralmente, maiores que aqueles que otimizam o ganho genético por seleção. A partir de resultados experimentais, eles obtiveram valores de tamanhos efetivos de 31 a 250 animais por geração, os quais se aplicam também a populações naturais e de conservação. Segundo esses autores, populações que têm tamanhos menores

que o tamanho crítico, presumivelmente, serão extintas se caminharem no sentido de adaptação sempre decrescente.

GAMA e SMITH (1993), estudando o efeito da depressão endogâmica em diferentes sistemas de produção animal para as principais espécies de interesse econômico, enfatizaram a importância de se considerar que parte da indústria animal utiliza animais provenientes de linhas puras e outra parte, animais cruzados para avaliação mais objetiva do impacto da endogamia sobre a atividade como um todo. Ressaltaram, ainda, que, enquanto a redução na resposta à seleção causada pela endogamia afeta toda a indústria animal, a depressão causada por endogamia afeta apenas os animais puros.

De acordo com esses autores, se o objetivo for a produção de carne, os cruzamentos que resultem em maior vigor híbrido ou heterose serão os mais utilizados, reduzindo-se bastante os efeitos da endogamia. No entanto, em gado de leite e em ovinos destinados a produzir lã, há pouca utilização de cruzamentos, e o impacto da endogamia poderia existir com a prática da seleção. Afirmaram ainda que, no passado, a endogamia não era uma preocupação em nenhuma dessas espécies, devido ao grande tamanho das populações e ao longo intervalo de gerações, principalmente em gado de leite. Entretanto, com a intensa seleção nos rebanhos fechados de ovinos destinados à produção de lã ou com o número limitado de touros selecionados em gado de leite, os níveis de endogamia tendem a aumentar e afetar a resposta genética líquida em toda a indústria animal.

Em gado de leite, MIGLIOR et al. (1992) sugeriram manter o nível de endogamia menor que 12,5%. De acordo com PEREIRA (2001), a consangüinidade reduz a viabilidade do bezerro, o desempenho reprodutivo, o crescimento e a produção de leite e de gordura, bem como aumenta a incidência de defeitos recessivos. Em geral, para um aumento de 1% na consangüinidade, há redução de 22,7 kg por lactação de 305 dias. Na opinião desse autor, existe um consenso entre os pesquisadores de que a consangüinidade provoca declínio na produção de leite, em quantidade variável, de acordo com a raça e a intensidade, e reduz a sobrevivência e a

fertilidade (avaliada pela capacidade de conceber). Para os esquemas MOET, Nicholas (1989), citado por PANTE et al. (2001), sugeriu uma taxa de incremento anual de endogamia (ΔF) de 0,5% como aceitável.

Em bovinos de corte, os efeitos da consangüinidade sobre características de importância econômica, como pesos e ganho de peso, são, em geral, negativos. Pesquisas indicam que animais endogâmicos são mais leves ao nascer do que os mestiços, possivelmente por causa da depressão por endogamia nos primeiros e do efeito da heterose nos segundos. Além do peso corporal, observam-se efeitos adversos na conformação corporal e, principalmente, no desempenho reprodutivo, havendo relatos de esterilidade gamética, aumento na mortalidade embrionária, redução no peso do feto e, assim, na viabilidade do recém-nascido e aumento no intervalo de parto e na suscetibilidade dos bezerros recém-nascidos a doenças (PEREIRA, 2001).

SHIMBO et al. (2000) relataram efeitos da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. Esses autores obtiveram o valor de 3,81% para o coeficiente médio de endogamia dos animais. Verificaram, ainda, que os níveis de endogamia individuais afetaram significativamente ($P < 0,05$) todas as características avaliadas. Assim, observaram que o aumento de 1% em endogamia causou decréscimo de 0,300 kg no peso na desmama, 1,120 kg no peso no sobreano, 0,730 kg no ganho de peso da desmama ao sobreano, e 0,055 cm no perímetro escrotal.

Hill (1971), citado por PEREIRA (1996), conduziu um experimento com suínos em que 146 linhagens de *Large White* foram desenvolvidas para avaliar os efeitos da consangüinidade. O coeficiente de consangüinidade atingiu valores de 40 a 50%, e somente 18 linhagens sobreviveram. Em geral, a consangüinidade promove a mortalidade embrionária e, conseqüentemente, a redução no tamanho da leitegada, acompanhada por uma redução geral no vigor e na taxa de crescimento. Além disso, retarda a maturidade sexual e causa diferenças na taxa de ovulação e na produção de espermatozóides.

Estudos com diferentes espécies de animais têm mostrado efeitos prejudiciais detectáveis do nível de endogamia de 10% sobre características importantes, como a fecundidade e a sobrevivência (FALCONER, 1987).

MATERIAL E MÉTODOS

Simulação dos dados

Os dados utilizados neste trabalho foram simulados utilizando-se o sistema computacional GENESYS, versão 8.32. 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.

Simulação do genoma

Neste trabalho, foi simulado um genoma de 1354 centimorgans de comprimento, considerando uma característica cuja expressão era determinada por 100 locos com dois alelos por loco. 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 trinta 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 na desmama) com média fenotípica inicial de 170,0 kg e desvio-padrão fenotípico de 24,3, kg com herdabilidade (h^2) igual a 0,32.

Populações simuladas

Foram simulados os genomas de 1500 fêmeas e de 1500 machos que formaram a população-base. Considerou-se a inexistência de parentesco entre os indivíduos desta população, uma vez que foram originados de processos aleatórios e não de segregação mendeliana, como se verifica nas populações reais.

A partir da população-base, foram tomados aleatoriamente machos e fêmeas, acasalando-se sempre um macho com 20 fêmeas. Foram utilizados 20 machos e 600 fêmeas considerando o nascimento de 5 descendentes que resultaram em uma população inicial com 3000 indivíduos.

Nesta etapa, simulou-se a produção de gametas dos reprodutores por meio de um processo denominado “caminhada cromossômica” (EUCLYDES, 1996), o qual consiste em iniciar a formação de gametas a partir da

extremidade de cada cromossomo, permitindo-se ou não a ocorrência de “crossing-over”. Nesse processo, é simulada a gametogênese à semelhança do que ocorre nos animais, considerando-se então a segregação mendeliana. Terminada a gametogênese, iniciava-se a zigotogênese.

A partir da população inicial, iniciou-se a formação das populações submetidas à seleção e a diferentes tipos de acasalamento.

A seleção foi baseada considerando dois tipos de seleção: seleção individual (SI) e seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP (melhor preditor linear não-viesado). No modelo estatístico, foram considerados o efeito fixo de sexo, como também os efeitos aleatórios de animal e de ambiente. Foram considerados dois tipos de acasalamento: acasalamento ao acaso (AAA) e acasalamento com exclusão de meios-irmãos e irmãos completos (EMI).

Tipos de populações

Para a avaliação da eficiência da formação de Núcleos de melhoramento com a utilização de transferência de embrião, foram consideradas duas situações. A situação clássica ou tradicional em que uma vaca é acasalada com um touro gerando um descendente por ano, sendo necessários 7 anos para o nascimento de cinco filhos (primeiro parto aos 3 anos e intervalo de partos de 12 meses). A outra situação foi a utilização das técnicas de múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) em que o tempo para uma vaca (doadora) gerar no mínimo 5 descendentes seria de apenas 3 anos. Também foi avaliada a possibilidade de aumentar o número de descendentes por acasalamento de reprodutores utilizando MOET (5, 10, 15 e 25 descendentes) com conseqüente redução no número de vacas selecionadas.

A seleção foi conduzida por um período total de 42 anos. O número de gerações de acasalamento e seleção foi de 6 e 14, respectivamente, considerando a situação clássica e MOET, com 10 repetições por geração, a fim de reduzir os efeitos da flutuação gênica.

O esquema de acasalamento hierárquico foi utilizado entre os reprodutores escolhidos para pais da próxima geração, consistindo em acasalar cada fêmea com um único macho.

As populações foram formadas de modo a permitir o nascimento de 3.000 (três mil) animais por geração, sendo considerados 4 tipos de relação macho x fêmea x descendentes. Todas as situações consideraram a utilização de 20 fêmeas por macho, variando o número de machos (30, 15, 10 ou 6) e o número de descendentes por casal (5, 10, 15 ou 25), respectivamente, conforme a Tabela 1.

Tabela 1- Relação entre o número de machos, fêmeas por macho e descendentes por casal e o tamanho efetivo da população.

População¹	Nº Gerações	Nº Machos	Total de fêmeas	Descendentes	Ne
N0	6	30	600	5	114,2857
N1	14	30	600	5	114,2857
N2	14	15	300	10	57,14286
N3	14	10	200	15	38,09524
N4	14	06	120	25	22,85714

¹ – N0 – reprodução tradicional; N1 a N4 – MOET com 5, 10, 15 e 25 descendentes por vaca, respectivamente.

Considerando os respectivos números de machos e de fêmeas selecionados, calculou-se o tamanho efetivo da população, segundo a fórmula proposta por Wright (1931), citada por FALCONER (1987):

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4N_m} + \frac{1}{4N_f}$$

Parâmetros avaliados

Os tipos de acasalamento foram comparados por meio da avaliação dos seguintes parâmetros no decorrer das gerações: valor fenotípico médio, endogamia média e variância genética aditiva.

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.

Endogamia média

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.

Variância genética aditiva

Os componentes de variância genética para a característica estudada foram calculados com base nos valores genéticos, segundo a fórmula:

$$\hat{\sigma}_{ak} = \frac{\sum_{j=1}^n a_{kj}^2 - \left(\sum_{j=1}^n a_{kj} \right)^2 / n}{n-1}$$

em que σ_{ak}^2 representa o estimador da variância genética aditiva para a característica k , a_{kj} é o valor genético do indivíduo j , n é o número total de indivíduos na população.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Valor Fenotípico

Nas Figuras 1 a 4 e Tabela 2, são apresentados os valores fenotípicos médios das populações, considerando 42 anos de seleção e dois tipos de acasalamento: reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI); dois métodos de seleção: seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP e seleção individual (SI); aplicação ou não de biotecnologia de reprodução: método tradicional ou múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET); e diferentes números de descendentes por casal de reprodutores.

Comparando a eficiência da aplicação da biotecnologia da reprodução com a utilização da múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) em relação ao método tradicional considerando o mesmo número de descendentes, observa-se, ao final de 42 anos de seleção, que a aplicação da biotecnologia da reprodução resultou em um valor fenotípico médio 27,05% superior ao método tradicional ($305,47 \pm 5,84$ x $240,43 \pm 4,67$), com um ganho genético anual 90,63% maior ($3,26 \pm 0,14$ x $1,71 \pm 0,11$) em relação ao método tradicional.

A superioridade do MOET em relação ao método tradicional era esperada devido ao menor intervalo de gerações considerado neste estudo: para o MOET foi de três anos e para o método tradicional de sete anos.

Assim, ao longo de 42 anos, foram obtidas apenas seis gerações no método tradicional e 14 gerações para o MOET.

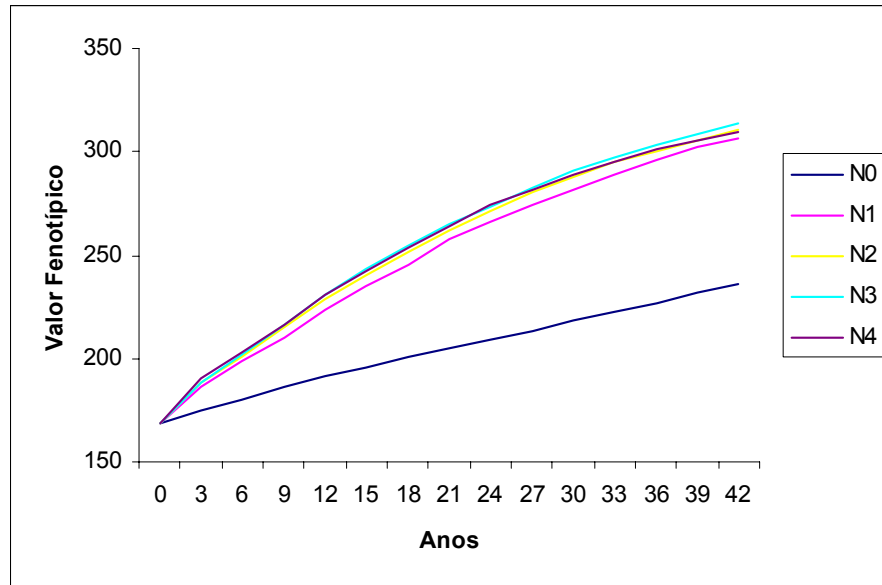


Figura 1 - Valores fenotípicos médios utilizando seleção individual (SI); método de acasalamento de reprodutores acasalados aleatoriamente considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

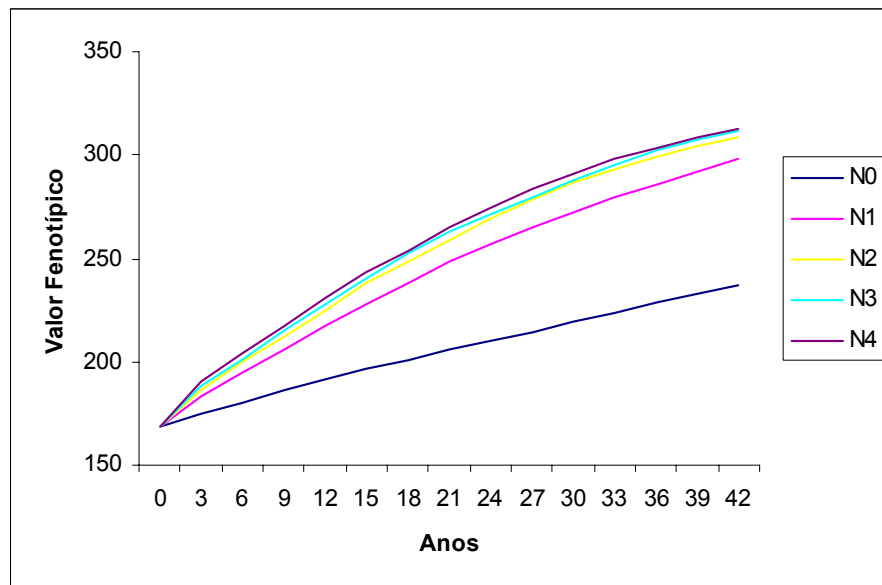


Figura 2 - Valores fenotípicos médios utilizando seleção individual (SI); método de acasalamento de exclusão de irmãos completos e meios-irmãos, considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

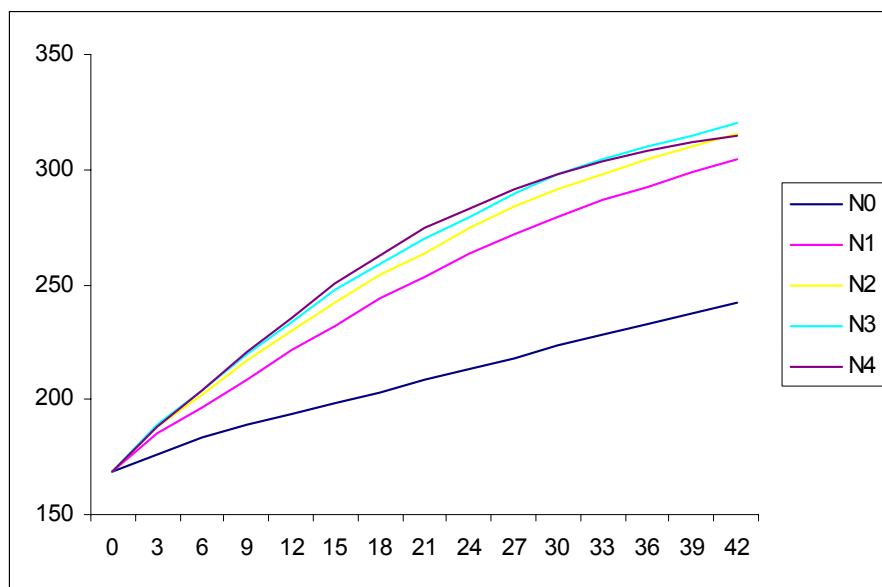


Figura 3 - Valores fenotípicos médios utilizando seleção baseada no BLUP; método de acasalamento reprodutores acasalados aleatoriamente considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

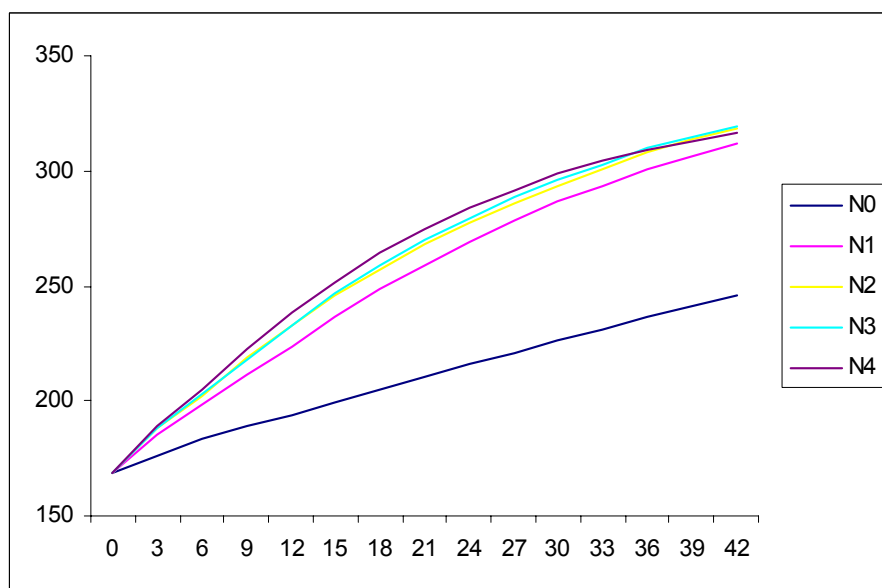


Figura 4 - Valores fenotípicos médios utilizando seleção baseada no BLUP; método de acasalamento exclusão de irmãos completos e meios-irmãos considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

Tabela 2- Valores fenotípicos médios considerando a seleção individual e baseada no BLUP; método de acasalamento RAA e EICMI; e diferentes números de descendentes por casal de reprodutores

Tipo de população	Anos							
	0	6	12	18	24	30	36	42
Seleção individual – RAA								
N0	168,66	180,55	191,02	200,55	209,37	218,01	227,06	236,16
N1	168,66	198,64	223,48	245,52	266,57	281,99	295,89	306,91
N2	168,66	201,29	228,66	251,62	271,54	288,11	300,15	310,11
N3	168,66	202,24	230,54	254,98	273,62	290,71	303,82	313,47
N4	168,66	202,99	231,07	253,89	274,09	288,39	300,82	309,91
Seleção individual – EICMI								
N0	168,66	180,50	191,13	200,86	210,05	219,17	228,42	237,17
N1	168,66	194,75	217,19	237,67	256,93	272,62	286,22	298,02
N2	168,66	199,79	224,99	248,96	268,73	286,32	299,01	308,78
N3	168,66	201,09	227,72	252,19	271,50	287,53	301,84	311,92
N4	168,66	204,04	230,60	253,97	274,31	290,51	303,27	312,66
BLUP – RAA								
N0	168,66	183,25	193,41	203,31	213,36	223,30	233,16	242,17
N1	168,66	196,63	221,27	243,66	263,15	279,45	292,69	304,82
N2	168,66	201,84	230,26	253,86	274,43	291,46	304,60	315,24
N3	168,66	203,85	234,12	259,13	279,58	297,59	309,87	319,83
N4	168,66	203,69	235,57	262,74	282,98	297,82	307,73	314,88
BLUP – EICMI								
N0	168,66	183,09	194,16	205,06	215,63	225,82	236,30	246,21
N1	168,66	198,32	223,73	248,19	269,31	286,47	300,61	312,12
N2	168,66	202,19	233,13	257,12	277,28	293,53	307,93	318,75
N3	168,66	202,66	232,89	258,89	279,62	296,31	309,75	319,34
N4	168,66	205,14	238,83	264,10	284,04	298,62	309,12	316,32

Legenda: (RAA) reprodutores acasalados aleatoriamente; (EICMI) Exclusão de acasalamento entre irmãos completos e meios-irmãos; (N0) método tradicional de reprodução considerando 5 descendentes por casal de reprodutores $N_e=114,29$; (N1) Utilização de TE considerando 5 descendentes por casal de reprodutores $N_e=114,29$; (N2) 10 descendentes por casal de reprodutores $N_e=57,14$; (N3) 15 descendentes por casal de reprodutores $N_e=38,09$; e (N4) 25 descendentes por casal de reprodutores $N_e=22,86$.

NICHOLAS e SMITH (1983), trabalhando com um estudo de simulação para a seleção de touros jovens em bovinos de leite, encontraram uma taxa anual de ganho genético 90% superior com a utilização do MOET em relação ao método tradicional com teste de progênie.

Comprovada a superioridade do MOET em relação ao método tradicional, foram testadas diferentes combinações entre o número de reprodutores selecionados e o número de descendentes por casal de reprodutores considerando o nascimento de 3000 animais por geração. Foram

testadas quatro combinações diferentes, conforme a Tabela 1 apresentada anteriormente.

Os valores fenotípicos médios foram de $305,47 \pm 5,84$ para N1; de $313,22 \pm 4,62$ para N2; de $316,14 \pm 4,03$ para N3; e de $313,44 \pm 2,80$ para N4. Observa-se que com o aumento do número de descendentes por casal de reprodutores (N1 a N4) houve um aumento do valor fenotípico médio aos 42 anos de seleção até as populações N3. A partir de N3, houve um decréscimo no valor fenotípico médio. E o maior valor fenotípico médio foi encontrado nas populações N3 com a utilização do BLUP. Contudo, no início, o valor fenotípico médio das populações com tamanho efetivo N4 foi superior aos outros até a décima geração (30 anos). Após esse período, os valores fenotípicos médios das populações com tamanho efetivo N3 superaram os valores fenotípicos médios das populações com maior intensidade de seleção.

Um dos possíveis motivos para a superioridade das populações N3 em relação às N4 foi o decréscimo no tamanho efetivo da população: de 38,09 para N3 e de 22,86 para N4. FALCONER e MACKAY (1996) citam que a resposta genética a um ciclo de seleção para características quantitativas é função somente da acurácia de seleção, da intensidade de seleção e da variância genética aditiva na população. Espera-se, a curto prazo, que quanto maior for a intensidade de seleção, maior será o ganho genético. Assim, populações com o tamanho efetivo N4 foram superiores aos demais esquemas de seleção propostos neste estudo até o décimo ciclo de seleção (30 anos). Contudo, para seleção a longo prazo, segundo WEI et al. (1996), em pequenas populações, outros fatores como oscilação genética, desequilíbrio gamético, variância mutacional, tamanho efetivo da população, estrutura da população e estratégia de seleção devem ser incorporados para predizer a resposta acumulada da seleção.

Comparando os sistemas de acasalamento, verifica-se que as diferenças entre os valores fenotípicos apresentados foram pequenas. Considerando a seleção individual (SI), o uso de RAA foi superior ao EICMI, já quando se utilizou o BLUP, ocorreu o inverso, sendo a EICMI superior ao RAA.

Foram observados aumentos constantes nos valores fenotípicos, no decorrer dos 42 anos considerados neste estudo, para todas as combinações de métodos de seleção, sistema de acasalamento e tamanho efetivo, o que era esperado pelo fato de os ganhos obtidos por seleção serem permanentes e cumulativos.

Verifica-se que os valores fenotípicos médios foram maiores com a utilização do BLUP e menores para a seleção individual independentemente do sistema de acasalamento e do tamanho efetivo em todas as situações, com exceção da combinação de RAA com N1 em que o valor fenotípico médio foi superior para seleção individual em relação ao BLUP. A superioridade dos valores fenotípicos médios com a utilização do BLUP em relação à seleção individual é semelhante ao encontrado por EUCLYDES (1996), CARNEIRO (1998), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002), BREDA (2003) e PEREIRA FILHO (2005).

Segundo CUNHA (2001), a seleção baseada no BLUP aumenta a acurácia das avaliações genéticas, o que torna mais eficiente a escolha dos melhores indivíduos para a reprodução, visto que são utilizadas todas as informações disponíveis de parentes dos candidatos à seleção, de forma a otimizar a resposta genética em curto prazo (VERRIER et al., 1993). Essa eficiência é ainda maior quando as características consideradas na seleção apresentam baixa herdabilidade (CABALLERO et al., 1996).

Um fato a ser considerado neste estudo é que a seleção individual foi praticada considerando-se uma característica de média herdabilidade, caso a característica em estudo fosse de baixa herdabilidade, o método da seleção individual não teria tanta eficácia. Segundo Lush (1945), citado por EUCLYDES (1996), quando a característica considerada na seleção possui herdabilidade moderada ou baixa, preditores que incorporem informações de parentes, como o índice de seleção e o BLUP, podem aumentar, significativamente, a resposta à seleção.

Endogamia média:

Nas Figuras 5 a 8 e Tabela 3, são apresentados os valores de endogamia média das populações, considerando dois métodos de seleção: seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP e seleção individual (SI); os dois tipos de acasalamento: reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI); a aplicação ou não de biotecnologia de reprodução: método tradicional ou múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET); e diferentes números de descendentes por casal de reprodutores.

Nota-se um aumento no coeficiente de endogamia média ao longo das gerações independentemente do método de seleção, tipo de acasalamento, aplicação da biotecnologia de reprodução e número de descendentes por casal, nas populações estudadas. Este tipo de comportamento foi o mesmo encontrado por EUCLYDES (1996), CARNEIRO (1998), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002), BREDÁ (2003) e PEREIRA FILHO (2005).

Contudo, as taxas de aumento dos valores da endogamia média foram inversamente proporcionais ao tamanho efetivo da população, sendo maiores para populações com menor tamanho efetivo, chegando ao valor máximo de 0,6541 para populações utilizando MOET, com o método de seleção utilizando o BLUP, RAA como tipo de acasalamento e considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 25, sendo o tamanho efetivo desta população igual a 22,86.

Observa-se que a utilização de núcleos MOET aumentou consideravelmente o valor da endogamia média da população ao final dos 42 anos em relação ao uso do método tradicional de reprodução. A endogamia média considerando o método tradicional foi de $0,06 \pm 0,03$, e com a aplicação da técnica de múltipla ovulação e transferência de embrião o valor da endogamia média foi de $0,18 \pm 0,08$. Assim, a aplicação da biotecnologia da reprodução foi responsável por um aumento de 200,79% na endogamia, ao longo de 42 anos.

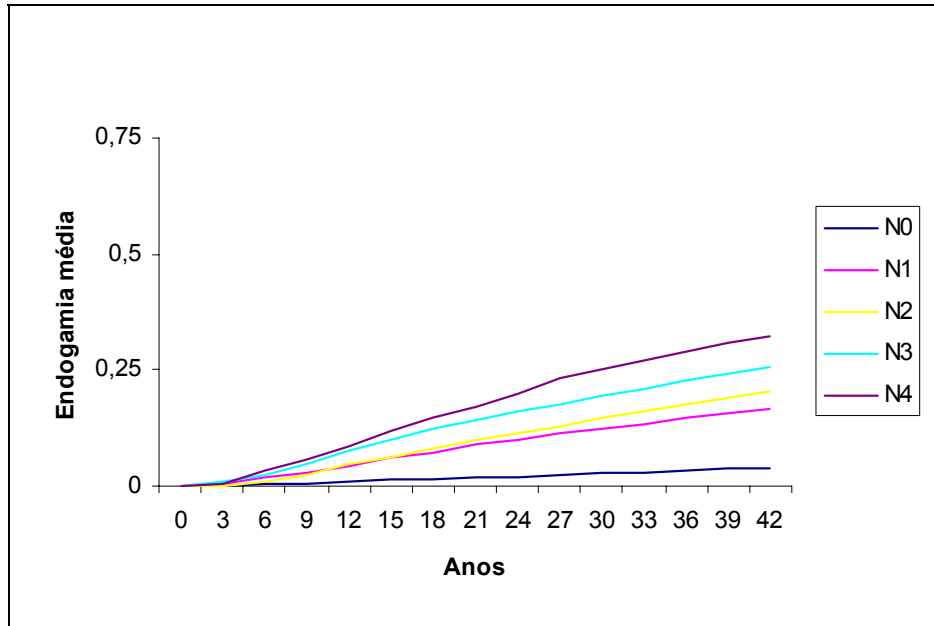


Figura 5 – Coeficientes de endogamia média utilizando seleção individual (SI); método de acasalamento reprodutores acasalados aleatoriamente considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

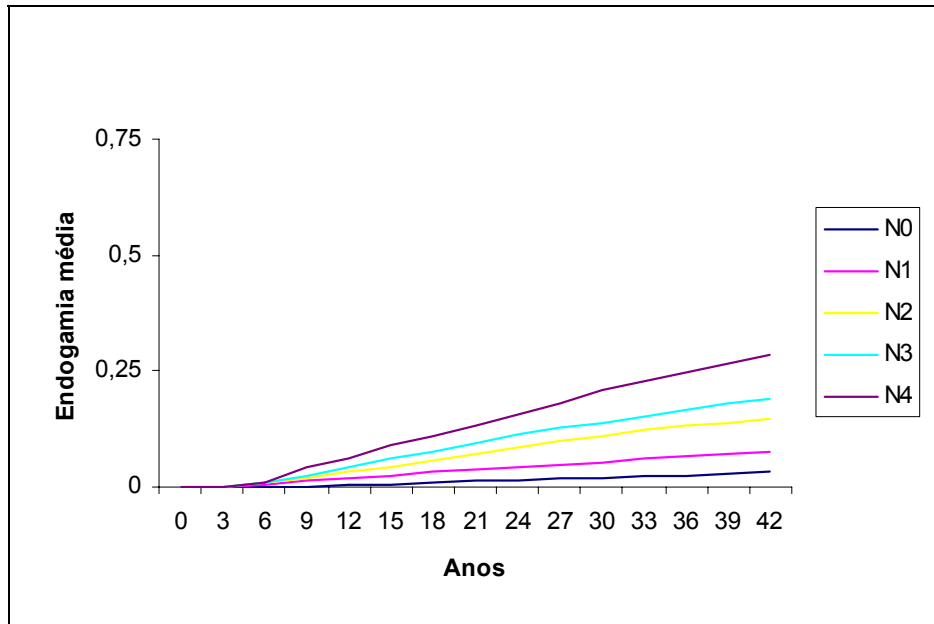


Figura 6 - Coeficientes de endogamia média utilizando seleção individual (SI); método de acasalamento exclusão de irmãos completos e meios-irmãos considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

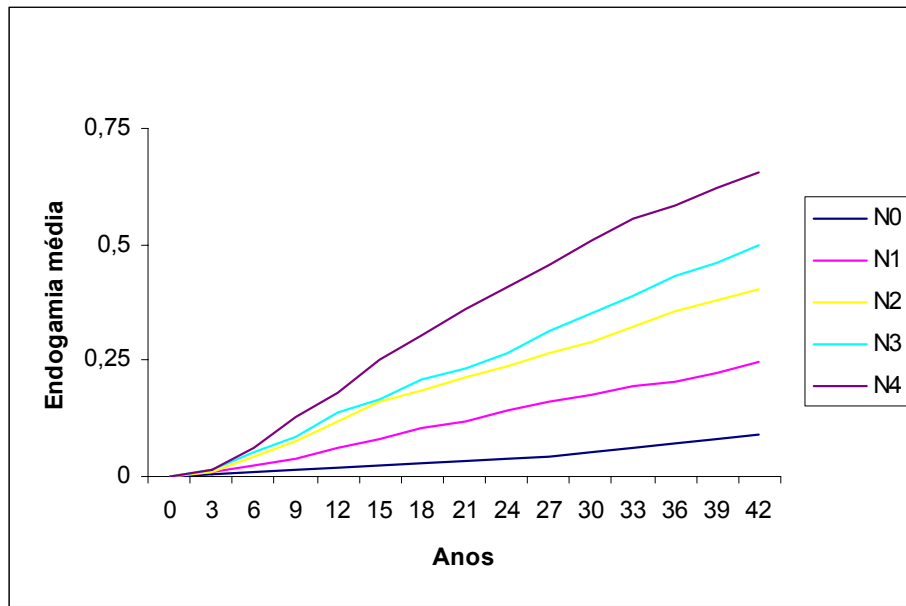


Figura 7 - Coeficientes de endogamia média utilizando seleção baseada no BLUP; método de acasalamento reprodutores acasalados aleatoriamente considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

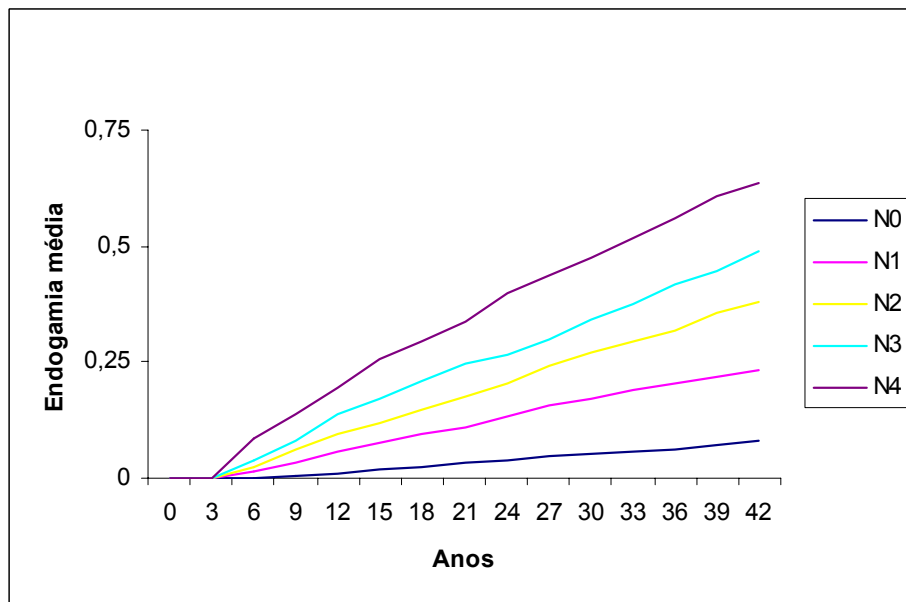


Figura 8 - Coeficientes de endogamia média utilizando seleção baseada no BLUP; método de acasalamento exclusão de irmãos completos e meios-irmãos considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

Tabela 3- Valores de endogamia média considerando a seleção individual e baseada no BLUP; método de acasalamento RAA e EICMI; e diferentes números de descendentes por casal de reprodutores

Tipo pop	Anos							
	0	6	12	18	24	30	36	42
Seleção individual – RAA								
N0	0,00	0,0034	0,0096	0,0159	0,0213	0,0263	0,0322	0,0395
N1	0,00	0,0176	0,0443	0,0710	0,1017	0,1253	0,1455	0,1639
N2	0,00	0,0079	0,0466	0,0815	0,1150	0,1470	0,1756	0,2020
N3	0,00	0,0257	0,0778	0,1211	0,1596	0,1931	0,2280	0,2576
N4	0,00	0,0310	0,0862	0,1469	0,2008	0,2518	0,2888	0,3249
Seleção individual – EICMI								
N0	0,00	0,0003	0,0045	0,0096	0,0152	0,0208	0,0259	0,0316
N1	0,00	0,0065	0,0184	0,0309	0,0421	0,0530	0,0656	0,0758
N2	0,00	0,0085	0,0320	0,0585	0,0852	0,1101	0,1306	0,1477
N3	0,00	0,0084	0,0418	0,0781	0,1117	0,1384	0,1676	0,1917
N4	0,00	0,0090	0,0616	0,1108	0,1576	0,2066	0,2481	0,2842
BLUP – RAA								
N0	0,00	0,0077	0,0175	0,0283	0,0392	0,0520	0,0696	0,0900
N1	0,00	0,0216	0,0594	0,1056	0,1405	0,1768	0,2057	0,2484
N2	0,00	0,0436	0,1191	0,1851	0,2390	0,2917	0,3551	0,4013
N3	0,00	0,0525	0,1353	0,2082	0,2675	0,3536	0,4302	0,5002
N4	0,00	0,0637	0,1801	0,3061	0,4090	0,5084	0,5840	0,6541
BLUP – EICMI								
N0	0,00	0,0015	0,0115	0,0255	0,0392	0,0513	0,0634	0,0786
N1	0,00	0,0154	0,0558	0,0926	0,1332	0,1732	0,2034	0,2329
N2	0,00	0,0239	0,0936	0,1467	0,2038	0,2698	0,3199	0,3775
N3	0,00	0,0380	0,1359	0,2068	0,2669	0,3411	0,4163	0,4883
N4	0,00	0,0846	0,1960	0,2946	0,3996	0,4766	0,5608	0,6378

Legenda: (RAA) reprodutores acasalados aleatoriamente; (EICMI) Exclusão de acasalamento entre irmãos completos e meios-irmãos; (N0) método tradicional de reprodução considerando 5 descendentes por casal de reprodutores $N_e=114,29$; (N1) Utilização de TE considerando 5 descendentes por casal de reprodutores $N_e=114,29$; (N2) 10 descendentes por casal de reprodutores $N_e=57,14$; (N3) 15 descendentes por casal de reprodutores $N_e=38,09$; e (N4) 25 descendentes por casal de reprodutores $N_e=22,86$.

A maior diferença absoluta na endogamia média considerando a aplicação de biotecnologia na reprodução foi observada entre as populações nas quais foram utilizados o BLUP como método de seleção e o RAA como método de acasalamento, tendo sido a diferença computada neste estudo de 0,1584 (0,2484 – 0,09).

Entre os métodos de seleção, a utilização do BLUP aumentou o valor da endogamia média em 53,66%, tendo sido o valor médio igual a $0,17 \pm 0,10$

para as populações em que se utilizou a seleção individual como método de seleção e de $0,37\pm 0,21$ para as populações em que se utilizou o BLUP. EUCLYDES (1996), CARNEIRO (1998), CUNHA (2001), CARNEIRO (2002), BREDA (2003) e PEREIRA FILHO (2005) também verificaram que, na seleção utilizando os valores genéticos obtidos pela seleção individual, os valores de endogamia foram menores que os obtidos pela seleção por meio do BLUP. Este resultado era esperado pelo fato de a seleção individual resultar em menores taxas de endogamia que a seleção feita pelos métodos que utilizam a informação de família e a metodologia de modelos mistos, como o BLUP, em virtude de este método conduzir à seleção de indivíduos cada vez mais aparentados (MUIR 2000).

O tipo de acasalamento que menos contribuiu para o aumento no valor da endogamia média foi o EICMI, 11,65% menor que o RAA, tendo sido os valores da endogamia média iguais a $0,25\pm 0,20$ e $0,29\pm 0,19$, respectivamente, para EICMI e RAA. Alguns trabalhos mostram que evitar o acasalamento entre parentes pode diminuir a endogamia (TORO e PÉREZ-ENCISO, 1990; CABALLERO et al., 1996; CUNHA, 2001, CARNEIRO, 2002).

Entre as possibilidades simuladas, considerando o nascimento de 3000 descendentes por geração, na aplicação da biotecnologia de reprodução MOET, observa-se que, com o aumento no número de descendentes por casal de reprodutores e conseqüente diminuição do tamanho efetivo da população, houve um incremento no valor da endogamia média independentemente do método de seleção e acasalamento utilizados. Os valores de endogamia média, considerando o uso do MOET, variaram de 0,0758 (quando se considerou o uso do SI e EICMI em populações com 5 descendentes por casal de reprodutores) a 0,6541 (considerando a utilização do BLUP e RAA em populações com 25 descendentes por casal de reprodutores).

O principal motivo para essa variação foi o tamanho efetivo da população que variou de 114,29, quando foram considerados a seleção de 30 machos e 600 fêmeas e o nascimento de 5 descendentes, a 22,86, considerando

a seleção de 06 machos e 120 fêmeas e o nascimento de 25 descendentes por casal de reprodutores.

AGGREY et al. (1995) ressaltaram que a resposta genética referente a uma única característica quantitativa depende principalmente do seu tamanho efetivo. Em curto prazo, observam-se sua influência sobre o diferencial de seleção, a depressão por endogamia e a redução na variância genética devido à oscilação. Em longo prazo, o tamanho efetivo afeta os limites da seleção e a utilização de nova variação a partir de mutações.

PEREIRA (2001), trabalhando com gado de leite, resalta o fato de que a endogamia reduz a viabilidade do bezerro, o desempenho reprodutivo, o crescimento e a produção de leite e gordura, aumentando a incidência de efeitos recessivos e doenças. MIGLIOR et al. (1992) recomendaram manter o nível de endogamia menor que 12,5%. Nicholas (1989), citado por PEREIRA FILHO (2005), sugeriu uma taxa de incremento anual de endogamia de 0,5% como aceitável para os esquemas MOET.

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

Variância genética

Nas Figuras 9 a 12 e Tabela 4, são apresentados os valores da variância genética aditiva média das populações considerando a aplicação ou não de biotecnologia de reprodução: método tradicional ou múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET); diferentes números de descendentes por casal de reprodutores; dois tipos de acasalamento: reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI); e dois métodos de seleção: valores genéticos preditos pelo BLUP e seleção individual (SI).

Comparando a eficiência da aplicação da biotecnologia da reprodução com a utilização da múltipla ovulação e transferência de embrião (MOET) em relação ao método tradicional, considerando o mesmo número de descendentes, observa-se ao final de 42 anos que a aplicação da biotecnologia da reprodução resultou em um valor da variância genética aditiva média 59,63% inferior ao método tradicional ($51,23 \pm 12,39$ x $126,91 \pm 12,60$) com uma redução no valor da variância genética aditiva anual média com taxa 108,21% maior ($3,47 \pm 0,36$ x $1,66 \pm 0,30$) em relação ao método tradicional. A principal causa para a diferença nas médias das variâncias genéticas aditivas está no número de gerações, ocorrendo, no método tradicional, ao longo de 42 anos, apenas 6 gerações, e com a aplicação da biotecnologia de reprodução, o número de gerações sobe para 14, no mesmo período.

Considerando as diferentes combinações entre o número de reprodutores selecionados e o número de descendentes por casal de reprodutores, considerando o nascimento de 3000 animais por geração, observam-se os seguintes valores da variância genética aditiva média: de $51,23 \pm 12,39$ para N1; de $37,14 \pm 10,63$ para N2; de $28,88 \pm 10,50$ para N3; e de $23,58 \pm 13,79$ para N4. Observa-se que, com o aumento do número de descendentes por casal de reprodutores (N1 a N4), houve um decréscimo do valor da variância genética aditiva média aos 42 anos de seleção. E o maior valor de variância após 42 anos (68,34) foi encontrado nas populações N1,

utilizando a seleção individual como método de seleção e EICMI como método de acasalamento. O menor valor da variância genética aditiva média (10,86) foi observado nas populações N4 com a utilização do BLUP e EICMI.

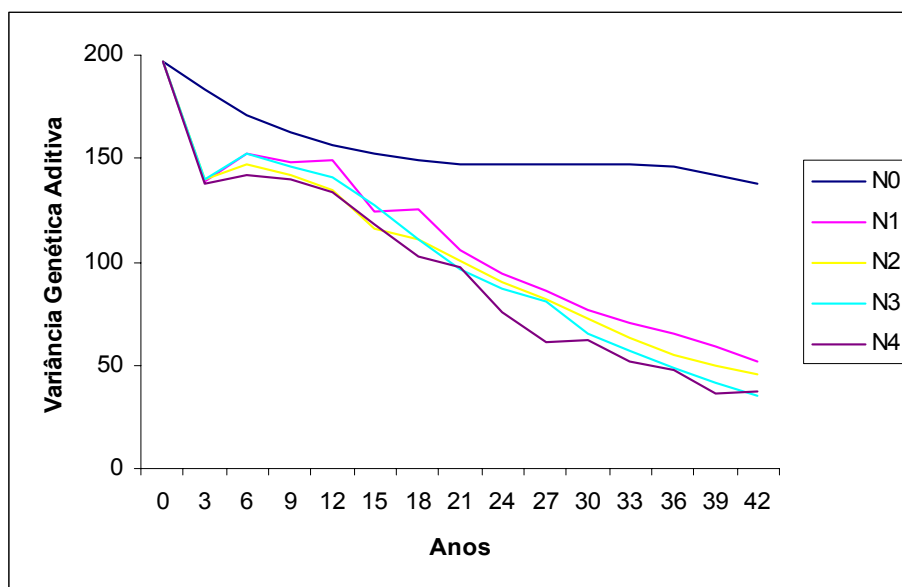


Figura 9 - Valores médios da variância genética aditiva utilizando seleção individual (SI); método de acasalamento reprodutores acasalados aleatoriamente considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

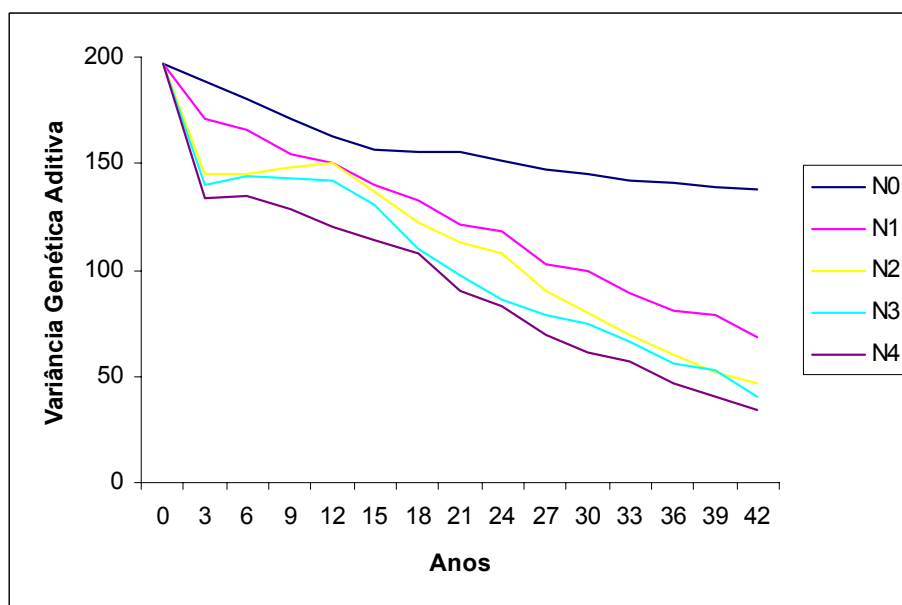


Figura 10 - Valores médios da variância genética aditiva utilizando seleção individual (SI); método de acasalamento (B) exclusão de irmãos completos e meios-irmãos considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

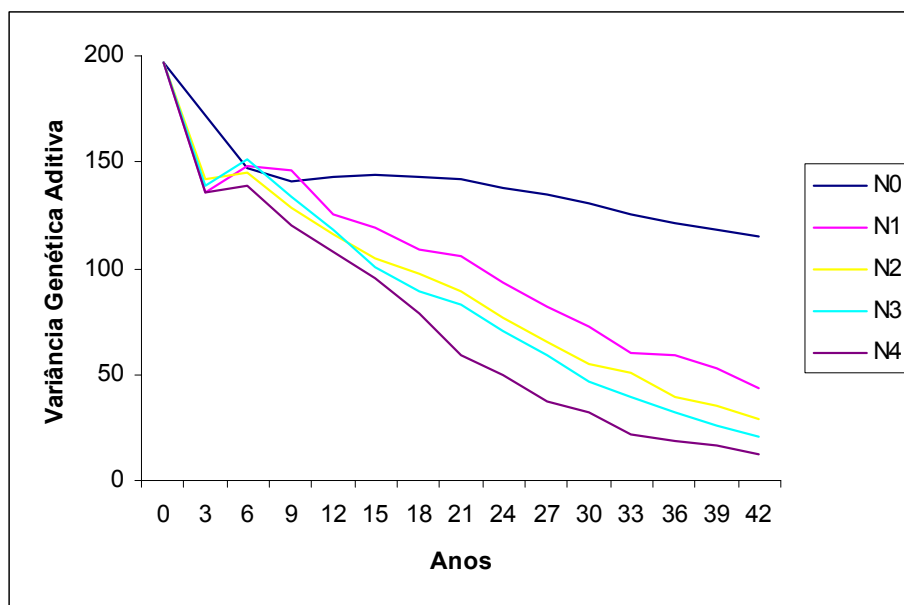


Figura 11 - Valores médios da variância genética aditiva utilizando seleção baseada no BLUP; método de acasalamento reprodutores acasalados aleatoriamente considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

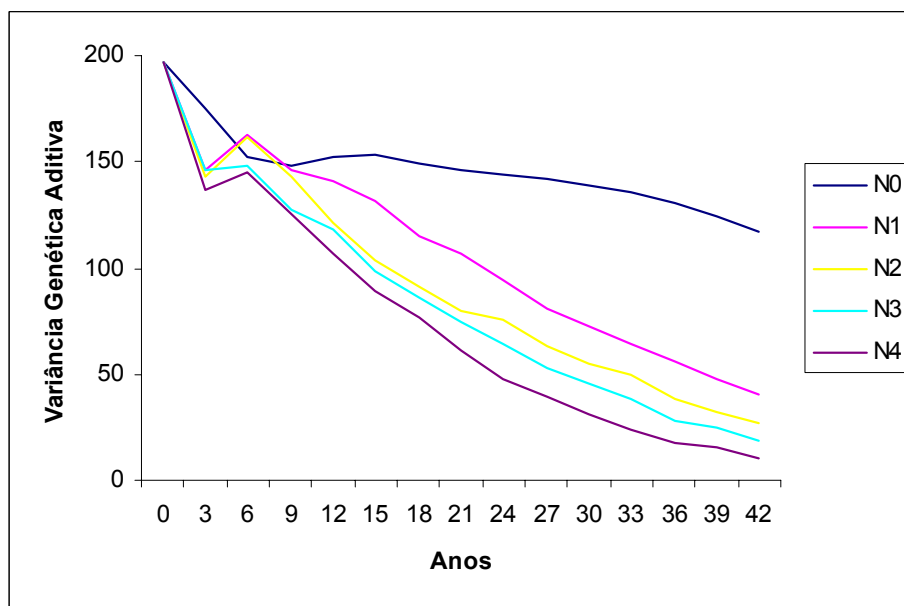


Figura 12 - Valores médios da variância genética aditiva utilizando seleção baseada no BLUP; método de acasalamento exclusão de irmãos completos e meios-irmãos considerando o número de descendentes por casal de reprodutores igual a 5 (N0 e N1), 10 (N2), 15 (N3) e 25 (N4); e aplicação da biotecnologia da reprodução (N1 a N4) ou do método tradicional de reprodução (N0).

Tabela 4- Valores médios da variância genética aditiva considerando a seleção individual e baseada no BLUP; método de acasalamento RAA e EICMI; e diferentes números de descendentes por casal de reprodutores

Tipo de população	Anos							
	0	6	12	18	24	30	36	42
	Seleção individual – RAA							
N0	196,85	170,95	156,82	149,59	147,07	147,03	145,77	138,06
N1	196,85	152,62	148,83	125,51	93,90	76,50	65,11	52,14
N2	196,85	146,69	135,05	110,72	89,66	72,24	55,28	45,65
N3	196,85	152,59	140,76	110,64	87,04	65,01	48,67	35,50
N4	196,85	141,52	133,37	103,09	75,27	62,48	48,13	36,98
	Seleção individual – EICMI							
N0	196,85	179,83	162,41	155,83	151,33	144,62	140,48	137,54
N1	196,85	165,94	150,67	132,36	117,70	99,44	81,23	68,34
N2	196,85	145,06	150,26	122,38	107,60	80,04	59,99	46,96
N3	196,85	143,82	142,02	109,46	86,49	74,35	56,16	40,11
N4	196,85	134,73	119,87	107,81	82,82	60,88	46,78	33,94
	BLUP – RAA							
N0	196,85	147,15	142,94	142,99	138,21	130,36	121,64	115,03
N1	196,85	147,95	125,45	109,07	93,27	72,44	58,59	43,72
N2	196,85	144,61	115,95	97,61	77,07	55,22	39,72	29,03
N3	196,85	150,80	118,56	88,72	70,02	46,99	32,25	20,76
N4	196,85	138,67	108,06	79,15	49,42	32,23	19,15	12,55
	BLUP – EICMI							
N0	196,85	152,63	152,20	149,67	143,68	138,82	131,02	117,01
N1	196,85	162,83	140,77	114,85	94,79	72,34	55,47	40,72
N2	196,85	161,44	121,36	91,33	75,16	54,92	38,78	26,93
N3	196,85	148,06	118,43	85,74	64,71	45,12	27,93	19,15
N4	196,85	144,95	107,12	76,52	48,06	31,52	17,67	10,86

Legenda: (RAA) reprodutores acasalados aleatoriamente; (EICMI) Exclusão de acasalamento entre irmãos completos e meios-irmãos; (N0) método tradicional de reprodução considerando 5 descendentes por casal de reprodutores $N_e=114,29$; (N1) Utilização de TE considerando 5 descendentes por casal de reprodutores $N_e=114,29$; (N2) 10 descendentes por casal de reprodutores $N_e=57,14$; (N3) 15 descendentes por casal de reprodutores $N_e=38,09$; e (N4) 25 descendentes por casal de reprodutores $N_e=22,86$.

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

Comparando os sistemas de acasalamento, verifica-se que as diferenças entre os valores da variância genética aditiva média apresentadas foram

pequenas. O uso de RAA foi ligeiramente inferior ao EICMI ($52,94 \pm 40,87$ x $54,16 \pm 41,88$, respectivamente, para RAA e EICMI). Mediante este fato, observa-se que os métodos de acasalamentos testados pouco influenciaram na redução da variância genética aditiva. Quando se utilizou o SI, observou-se que os valores médios da variância genética aditiva foram superiores utilizando EICMI, e quando se utilizou o BLUP, observou-se o contrário, tendo o RAA apresentado valores superiores ao EICMI.

Verifica-se que os valores médios da variância genética aditiva foram maiores com a utilização da seleção individual e menores quando se utilizou o BLUP. Observa-se que o BLUP reduziu em 31,39% o valor médio da variância genética aditiva quando comparado a SI ($43,58 \pm 39,64$ x $63,52 \pm 40,41$) para o BLUP e SI, respectivamente.

CONCLUSÕES

O uso da múltipla ovulação e da transferência de embrião aumentou o valor fenotípico e a endogamia, com redução na variância genética aditiva.

O aumento no número de descendentes por acasalamento e a redução no número de vacas e touros selecionados, a curto prazo, aumentaram o valor fenotípico médio das populações sobre a seleção, apesar do aumento da endogamia e da redução da variância genética aditiva, mas a longo prazo o aumento da endogamia e a redução da variância genética aditiva, causados pela redução do tamanho efetivo das populações, comprometeriam os ganhos genéticos.

A exclusão de acasalamento entre irmãos completos e meios-irmãos (EICMI) foi pouco eficiente para reter o aumento da endogamia a longo prazo.

Dependendo do tamanho da população, poderia ser utilizado o MOET com 5 a 10 descendentes por casal de reprodutores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AGGREY, S.E.; LIN, C. Y.; CHENG, K. M. Size of breeding populations required for selection programs. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 91, p. 553-556, 1995.
- BARUSELLI, P.S.; MARQUES, M.O.; CARVALHO, N.A.T.; MADUREIRA, E.H.; COSTA NETO, W.P. Dinâmica folicular em novilhas receptoras de embrião bovino submetidas à sincronização da ovulação para inovulação em tempo-fixo. **Arquivos da Faculdade de Veterinária UFRGS**. v. 28, p. 217, 2000.
- BIJMA, P.; WOOLLIAMS, J. A. Prediction of rates of inbreeding in populations selected on best linear unbiased prediction of breeding value. **Genetics**, v. 156, p. 361-373, 2000.
- BULMER, M. G. The effect of selection on genetic variability. **The American Naturalist**, v. 105, n. 943, p. 201-211, 1971.
- BREDA, F. C. **Influência de populações selecionadas sobre a avaliação genética animal**. 2003. 59f. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2003.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, v. 73, p.657-679, 1994.
- CABALLERO, A.; SANTIAGO, E.; TORO, M. A. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. **Animal Science**, v. 62, p. 431-442, 1996.

- CARNEIRO, P. L. S. **Efeito de erros de *pedigree* na avaliação genética animal.** 1998. 79f. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1998.
- CARNEIRO, P. L. S. **Oscilação genética e comparação de métodos de seleção tradicionais e associados a marcadores moleculares.** 2002. 94f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2002.
- CUNHA, E. E. **Avaliação de tipos de acasalamento em populações selecionadas, utilizando-se danos simulados.** 2001. 104f. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2001.
- DEKKERS, J. C. M. Asymptotic response to selection on best linear unbiased predictors of breeding values. **Animal Production**, v. 54, p. 351-360, 1992.
- EUCLYDES, R. F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares.** 1996. 149f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1996
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa.** Tradução de M. A. Silva e J. C. Silva. Viçosa, MG: UFV, 2. impressão, 1987. 279p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics.** 4. ed. London: Longman, 1996.
- GAMA, L. T.; SMITH, C. The role of inbreeding depression in livestock production systems. **Livestock Production Science**, v. 36, p. 203-211, 1993.
- GENESYS, Sistema de Simulação Genética, versão 8.32, 2007. Fundação Arthur Bernardes, Viçosa, MG.
- GODDAR, M. G.; SMITH, C. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. **Journal of Dairy Science**, v. 73, p. 1113-1122, 1990.

- HINKS, C.J.M. The use of centralized breeding schemes in dairy cattle improvement. **Anim. Breed. Abstr.**, v.46, p.291-297, 1978. (Review Article).
- KELLER, D.S.; TEEPKER, G. Effect of variability in response to superovulation on donor cow selection differentials in nucleus breeding schemes. **Journal of Dairy Science.**, v.73, p.549-554, 1990.
- MIGLIOR, F. A.; SZKOTNICKI, B.; BURNSIDE, E. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. **Journal of Dairy Science**, v. 75, p. 1112-1118, 1992.
- MEUWISSEN, T. H. E.; WOOLLIAMS, J. A. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetic**, v. 89, p. 1019-1026, 1994.
- MUIR, W. M. The interaction of selection intensity, inbreeding depression, and random genetic drift on short and long-term response to selection: Results using finite locus and finite population size models incorporating directional dominance. **Proceeding of the American society of Animal Science**, 2000 (<http://www.google.com.br/search?hl=pt&ie=UTF8&oe=UTF8&q=blup+and+genetic+drift&lr>).
- NICHOLAS, F. W.; SMITH, C. Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. **Animal Production**, v. 36, p. 341-353, 1983.
- PANTE, M. J. R.; GJERDE, B.; McMILLAN, I. Inbreeding levels in selected populations of rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*. **Aquaculture**, v. 192, p. 213- 224, 2001.
- PENNA, V.M.; MADALENA, F.E.; ALVIM, M.T.T. Open MOET selection nucleus in Guzerá. In: WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 6., 1998, Armidale. (**Proceedings**) Armidale: WCGALP, 1998. p.439.
- PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**, 3 ed. Belo Horizonte, 2001. 555 p.
- PEREIRA FILHO, J. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação**. 2005. 47f. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2005.

- QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M. E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal Animal Science**, Champaign, v. 70, p.1060-1067, 1992.
- QUINTON, M.; SMITH, C. Comparison of evaluation-selection system for maximizing genetic response at same level of inbreeding. **Journal Animal Science**, v. 73, n. 8, p.2208-2212, 1995.
- RUANE, J. Review of the use of embryo transfer in the genetic improvement of dairy cattle. **Anim. Breed. Abstr.**, v.56, p.437-446, 1988
- RUANE, J. The importance of family sizes in an adult multiple ovulation and embryo transfer (MOET) nucleus breeding schemes in dairy cattle. **Animal Production**, v.52, p.33-47, 1991.
- RUANE, J.; THOMPSON, R. Comparison of simulated and theoretical results in an adult MOET nucleus schemes for dairy cattle. **Live Production. Science.**, v.28, p.1-20, 1991.
- SEIDEL Jr., G.E. Applications of embryo transfer and related technologies to cattle. **Journal of Dairy Science**, v.67, p.2786-2796, 1984.
- SHIMBO, M. V.; FERRAZ, J. B. S.; ELER, J. P.; OLIVEIRA, F. F.; JUBILEU, J. S.; FIGUEIREDO, L. G. G.; MATTOS, E. C. Influência da endogamia sobre características de desempenho em bovinos da raça Nelore. In: SIMPÓSIO NACIONAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO ANIMAL, 3, 2000, Belo Horizonte, (**Anais**), p. 388-390, 2000.
- SILVA, M.A. Melhoramento animal (Noções básicas de genética quantitativa). Viçosa – MG:UFV, 1993. (Publicação, 132). 61p
- SMITH, C. Efficiency of animal testing schemes. **Biometrics**, v.16, p.408-415, 1960.
- SMITH, C. Genetic improvement of livestock using nucleus-breeding units. **World Anim. Rev.**, v.65, p.2-10, 1988.
- STRANDÉN, I.; MÄKI-TANILA, A.; MÄNTYSAARI, E.A. Genetic progress and rate of inbreeding in a closed adult MOET nucleus under different mating strategies and heritabilities. **J. Anim. Breed. Gen.**, v.108, p.401-411, 1991.

- TORO, M. A.; PEREZ-ENCISO, M. Optimization of selection response under restricted inbreeding. **Genetic, Selection and Evolution**, v. 22, p. 93-107, 1990.
- TORO, M.A.; SILIÓ, L.; PEREZ-ENCISO, M. A note on the use of male selection in closed MOET selection. **Animal Production**, v.53, p.403-406, 1991.
- VERRIER, E.; COLLEAU, J. J.; FOULLEY, J. L. Long-term effects of selection based on animal model BLUP in a finite population. **Theoretical and Applied Genetic**, Berlin, v. 87, p. 446-454, 1993.
- WEI, M.; CABALLERO, A.; HILL, W. G. Selection response in finite populations. **Genetics**, v. 144, p. 1961-1974, 1996.
- WOOLLIAMS, J. A. Modifications to MOET nucleus breeding schemes to improve rates of genetic progress and decrease rates of inbreeding in dairy cattle. **Animal Production**, v. 49, p. 1-14, 1989.
- WOOLLIAMS, J.A., WILMUT, I. Embryo manipulation in cattle breeding and production. **Animal Production**, v.48, p.3-30, 1989.
- WOOLLIAMS, J. A.; WRAY, N. R.; THOMPSON, R. Prediction of long-term contributions and inbreeding in populations undergoing mass selection. **Genetic Research**, v. 62, p. 231-242, 1993.
- WRAY, N. R.; THOMPSON, R. Predictions of rates of inbreeding in selected populations. **Genetic Research**, v. 55, p. 41-54, 1990.
- WRAY, N. R.; WOOLLIAMS, J. A.; THOMPSON, R. Prediction of rates of inbreeding in populations undergoing index selection. **Theoretical and Applied Genetic**, v. 87, p. 878- 892, 1994.