

Controle de endogamia em populações de frango de corte com diferentes intensidades de seleção de fêmeas¹

João Paulo Laine Oliveira²; Gabriel Borges Pacheco²; Laís Cristine Costa²; Gian Carlos Nascimento²; Gabriel Borges Pacheco²; Clara Costa Zica Gontijo²; João Vitor Miranda Andrade²; André Luís da Costa Paiva⁴; Rafael Bastos Teixeira⁴

¹ Parte do trabalho de tese de doutorado apresentado a Universidade Federal de Viçosa - UFV

² Graduando (a) em Zootecnia pelo IFMG – Campus Bambuí. Bolsista do CNPq.

³ Professor do Departamento de Ciências Agrárias do IFMG – Campus Bambuí

Resumo: Objetivou-se avaliar as diferentes formas de acasalamento no controle da endogamia em populações com o uso de fêmeas obtidas por seleção ou não, utilizando o melhor preditor linear não viesado (BLUP). Foram simulados dados utilizando o sistema computacional (GENESYS, 2010), com intuito de estudar apenas uma característica quantitativa da produção de frango de corte (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3kg, desvio-padrão fenotípico de 0,3kg e herdabilidade (h^2) igual a 0,30. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente. A população base foi constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). A partir desta base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 20 machos e 200 fêmeas, produzindo 8 descendentes por acasalamento, gerando um total de 1.600 indivíduos. 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. Para testar o efeito da seleção de fêmeas simularam-se dois níveis de seleção: 0% e 100%. As formas de acasalamento utilizadas nas populações foram: acasalamento ao acaso, acasalamento com exclusão de irmãos completos e meio-irmão e acasalamento compensatório. O fato de se utilizar ou não fêmeas selecionadas, não alterou a necessidade do uso de métodos para controlar a endogamia e conseqüentemente prolongar a resposta ao processo de seleção.

Palavras-chave: BLUP, consaguinidade, simulação

INTRODUÇÃO

Os programas de seleção tem focado principalmente na escolha dos reprodutores, fato este que pode ser justificado pela relação macho e fêmea. Porém, a seleção aplicada em machos e fêmeas pode acelerar o progresso genético por aumentar a pressão de seleção em ambos os sexos. Entretanto, aumentar a intensidade de seleção em fêmeas tende a ter elevado custo, pois aumenta a relação macho/fêmea.

Em casos de populações fechadas os níveis elevados de consanguinidade podem inviabilizar o sistema de produção animal ou mesmo conduzir à extinção, devido ao esgotamento da variabilidade

VIII Semana de Ciência e Tecnologia IFMG -campus Bambuí
VIII Jornada Científica

genética com redução dos limites de seleção. Entretanto, deve ser considerado que a maior intensidade de seleção também está associada a um incremento nos níveis de consanguinidade no decorrer das gerações, que, por sua vez, poderá comprometer a expectativa de ganho futuro por seleção, sobretudo naqueles programas que visam à obtenção de resposta à seleção no médio e longo prazo pela preservação da variabilidade genética (Jangarelli e Euclides, 2012).

A realização do estudo teve como objetivo avaliar diferentes formas de acasalamento no controle da endogamia em populações com uso de fêmeas obtidas por seleção ou não.

MATERIAL E MÉTODOS

Foram simulados dados utilizando o sistema computacional (GENESYS,2010), uma versão atualizada de Euclides (1996), com objetivo de estudar apenas uma característica quantitativa da produção de frango de corte (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3kg, desvio-padrão fenotípico de 0,3kg e herdabilidade (h^2) igual a 0,30. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A população base foi constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). A partir desta base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 20 machos e 200 fêmeas, produzindo 8 descendentes por acasalamento, gerando um total de 1.600 indivíduos. O sexo 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 0,50 e fêmea, para os valores simulados entre 0,51 a 1,00.

A formação das populações selecionadas foi realizada com base nos valores genéticos preditos pelo BLUP, com o uso do modelo animal atribuindo informações das três últimas gerações. 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 et al., 2007).

Para testar o efeito da seleção de fêmeas simularam-se dois níveis de seleção: 0% e 100%. Foram utilizadas as seguintes formas de acasalamento nas populações: acasalamento ao acaso, acasalamento com exclusão de irmãos completos e meio-irmão e acasalamento de melhores com piores (acasalamento compensatório). Os tipos de acasalamento associado às porcentagens de fêmeas selecionadas foram comparados por meio da avaliação da endogamia média e pelo limite de seleção.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Todas as formas de acasalamento testadas não impediram que houvesse crescimento na média de endogamia. Este resultado era esperado devido ao fato de praticarmos a seleção utilizando

VIII Semana de Ciência e Tecnologia IFMG -campus Bambuí
VIII Jornada Científica

valores genéticos obtidos pelo BLUP, já que este utiliza informações da família do indivíduo na composição do valor genético.

A seleção de 100% das fêmeas apresentou menor média de endogamia, este resultado pode ser particular a este estudo onde se utilizou um valor de herdabilidade médio-alto (0,30) associado ao BLUP. Neste caso, a informação da família se torna menos relevante em relação à observação do próprio indivíduo para cálculo do valor genético (Pedersen et al., 2009). Seriam necessárias pesquisas testando o nível de seleção de fêmeas simulando características de baixa herdabilidade para concluir se o peso atribuído a informação de famílias pelo BLUP seria significativo no incremento de endogamia.

O sexo que é utilizado em menor número em relação à proporção macho:fêmea é o responsável pelo incremento de endogamia, pois torna a população aparentada empregando ou não seleção nas fêmeas. A maior intensidade de seleção nos machos reduz o número de famílias selecionadas e ao longo das gerações torna as fêmeas aparentadas, mesmo que estas sejam escolhidas aleatoriamente na população.

Em todos os tipos de acasalamentos propostos foram evidenciados decréscimos nos limites de seleção a partir da quarta geração. 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 por Meuwissen & Woolliams (1992), dentre eles os autores citam a redução nos limites da seleção para a característica considerada na seleção. Segundo Faria et al. (2009), o desafio seria reduzir as taxas de endogamia a níveis aceitáveis no decorrer das gerações, ou, de outra forma, tentar otimizar os ganhos genéticos em níveis pré-determinados. Nesse sentido, diversas estratégias de seleção devem ser propostas, no intuito de otimizar a variabilidade genética em populações selecionadas e, com isso, assegurar maiores taxas de respostas à seleção, sobretudo em médio e longo prazo, restringindo os efeitos prejudiciais da endogamia.

CONCLUSÕES

O fato de se utilizar ou não fêmeas selecionadas, não altera a necessidade do uso de métodos para controlar a endogamia e conseqüentemente prolongar a resposta ao processo de seleção. Em específico, o controle da endogamia através da restrição dos acasalamentos se mostrou eficiente em relação ao acasalamento aleatório ao longo das gerações.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; EUCLYDES, R. F. et al. Endogamia, fixação de alelos e limite de seleção em populações selecionadas por métodos tradicionais e associados a marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.2, p.103 – 105, 2007.

EUCLYDES, R. F. **Uso do sistema para simulação GENESYS na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares** 1996. 150p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) -Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

FARIA, F. J. C.; FILHO, A. E. V.; MADAALENA & JOSAHKIAN. Pedigree analysis in the Brazilian Zebu breeds. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 126, p. 148 – 153, 2009.

JANGARELLI, M. & EUCLYDES, R. F. Endogamy and genetic variability in selective mating using distribution of extremes. **R. Bras. Zootec.** v.41, n.5, 2012.

MEUWISSEN, T. H. E.; WOLLIAMS, L. Z.; Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetic, Selection and Evolution**, v. 24, p. 305-313, 1992.

PEDERSEN, L.D.; SORENSEN, A.C.; BERG, P. Marker-assisted selection can reduce true as well as pedigree-estimated inbreeding. **Journal of Dairy Science**, v. 92, n.5, p. 2212 – 2223, 2009.