

Uso de valores de herdabilidades superestimadas no controle da endogamia em população de frangos de corte¹

Gabriel Borges Pacheco², Laís Cristine Costa², Gian Carlos Nascimento², Camila Alves Romoaldo, Marco Antonio Faria Silva², João Vitor Miranda Andrade², André Luís da Costa Paiva³, Rafael Bastos Teixeira³

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

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

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

RESUMO: Objetivou-se avaliar com este estudo o incremento de endogamia em populações simuladas tendo como método de redução o emprego de herdabilidade superestimada. Foram simulados dados através de um sistema computacional GENESYS 2010 com intuito de estudar apenas uma característica quantitativa (peso ao abate) com média fenotípica inicial de 2,3kg, desvio-padrão fenotípico de 0,3kg e herdabilidade (h^2) igual a 0,10. A população base foi constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). A partir desta base foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 10 machos e 100 fêmeas. A seleção teve início na população inicial e foi praticada através dos valores genéticos preditos pelo melhor preditor não viesado (BLUP) com o uso do modelo animal onde considerou as informações de pedigree das três últimas gerações. Não foi empregada nenhuma estratégia de acasalamento que restringisse o incremento de endogamia, usou-se apenas o método de acasalamento ao acaso (aaa). Simulou-se um genoma com valor de herdabilidade superestimado alterando o valor da herdabilidade atribuído a característica de 0,10 para 0,30, 0,50, 0,70 e 0,90. O coeficiente de endogamia média a cada geração foi calculado utilizando-se o método onde considera todo o *pedigree* de cada indivíduo. O uso de herdabilidades superestimadas apresentou ser um procedimento eficaz na redução dos incrementos de endogamia.

Palavras-chave: BLUP, melhoramento animal, variabilidade genética

INTRODUÇÃO

O grau de endogamia, também conhecido como consanguinidade, é descrito pelo coeficiente de endogamia de um indivíduo e pode ser calculado como a metade do

VIII Semana de Ciência e Tecnologia do IFMG campus Bambuí
VIII Jornada Científica e II Mostra de Extensão

coeficiente de parentesco entre seus pais. O parentesco, por sua vez, representa a porcentagem esperada de genes em comum entre indivíduos.

Os efeitos causados pela consanguinidade não são facilmente observados quanto à expressão de alelos recessivos indesejáveis em características de herança simples, podendo ser associado com a queda gradativa do desempenho de características quantitativas. As perdas ocorridas pelo aumento da endogamia são mais pertinentes em características de fertilidade e sobrevivência (MOKHTARI et al., 2014).

Uma forma de reduzir o incremento de endogamia de uma população seria alterar o valor atribuído à informação da família no momento de calcular o valor genético. Para isso, basta considerar um valor superestimado para herdabilidade a ser utilizada, pois consequentemente diminui o valor da informação atribuído à família, aumentando o peso dado à informação individual (LUO et al., 1995).

A realização deste trabalho teve como objetivo avaliar o incremento de endogamia em populações simuladas, utilizando como método de redução o uso de herdabilidades superestimadas em população selecionada pelo BLUP.

MATERIAL E MÉTODOS

Para realização deste trabalho 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 0,10.

A população base foi constituída de mil indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). A partir desta, foram escolhidos e acasalados aleatoriamente 10 machos e 100 fêmeas, produzindo 10 descendentes por acasalamento, gerando 1.000 indivíduos. A seleção teve início na população inicial e foi praticada através dos valores genéticos preditos pelo BLUP com o uso do modelo animal onde se considerou as informações de pedigree das três últimas gerações. No modelo estatístico, foram incluídos os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios de animal e de ambiente.

A seleção foi conduzida por 40 gerações, sendo que o processo de simulação por geração foi repetido 20 vezes a fim de reduzir os efeitos de flutuação genética (CARNEIRO, 2007). Não foi empregada nenhuma estratégia de acasalamento que

VIII Semana de Ciência e Tecnologia do IFMG campus Bambuí
VIII Jornada Científica e II Mostra de Extensão

restringisse o incremento de endogamia, usou-se apenas o método de acasalamento ao acaso (aaa).

Para o estudo do controle de endogamia considerando um valor de herdabilidade superestimada, foi simulado um genoma com valor de herdabilidade maior que o “real”. Aumentou-se o valor da herdabilidade atribuído a característica de 0,10 para 0,30, 0,50, 0,70 e 0,90. O coeficiente de endogamia média a cada geração foi calculado utilizando-se o método onde considera todo o *pedigree* de cada indivíduo.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Houve aumento da endogamia média na população avaliada em todas as herdabilidades testadas (Figura – 1), tanto para o valor real como para os valores superestimados. Ou seja, o procedimento testado não impede que haja incremento de endogamia, porem proporciona menor redução da variabilidade genética ao longo das gerações.

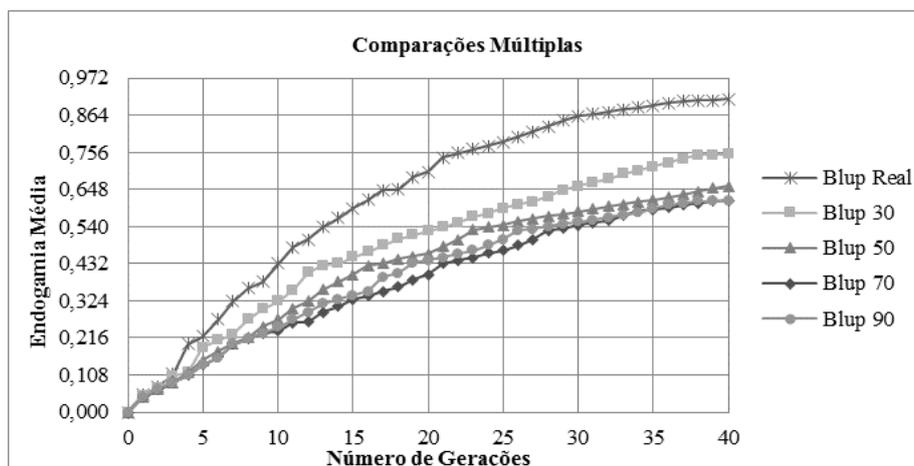


Figura 01 – Endogamia Média obtida pela seleção baseada n BLUP, utilizando acasalamento ao acaso, em populações com herdabilidade real e herdabilidade aumentadas, ao longo de 40 gerações.

Como pode ser observada na Figura 1, a utilização da herdabilidade real apresentou maiores valores para o coeficiente de endogamia média por geração. O procedimento de superestimar o valor da herdabilidade a ser utilizado na seleção favoreceu a redução do incremento de endogamia por geração. Considerar um maior valor para a herdabilidade como 0,30, 0,50, 0,70 e 0,90 resultou em menores valores para endogamia média nas populações simuladas. Pois, características que possuem

VIII Semana de Ciência e Tecnologia do IFMG campus Bambuí
VIII Jornada Científica e II Mostra de Extensão

maiores valores de herdabilidade tendem a ter menores incrementos de endogamia devido à importância da informação atribuída a família em características de baixa herdabilidade. O BLUP tende a priorizar a informação individual em situações onde a herdabilidade é alta. Desta forma evitamos situações onde são selecionados muitos indivíduos de uma mesma família.

Luo et al. (1995), relataram que o aumento da herdabilidade de 0,35 para 0,70 provocou uma redução significativa da endogamia. Falcão (2009), em um estudo com simulação para avaliar alternativas de seleção e níveis de endogamia, relataram otimismo no uso de herdabilidade aumentadas em avaliações genéticas. Contudo, elevados valores de herdabilidade podem estar associados a superestimação da variância genética em rebanhos pequenos, o que pode estar relacionado à falta de ajustamento da heterogeneidade da variância genética.

CONCLUSÕES

O uso de herdabilidades superestimadas apresentou ser um procedimento eficaz na redução dos incrementos de endogamia. Porém, esta situação poderá gerar viés em relação a variância genética, e conseqüentemente na estimação dos demais parâmetros genéticos.

LITERATURA CITADA

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 de Doutorado em Genética e Melhoramento. Universidade Federal de Viçosa, MG. UFV.

FALCÃO, A. J. S. MARTINS, E. N.; COSTA, C. N.; J MAZUCHELI, J. Efeitos do número de animais na matriz de parentesco sobre as estimativas de componentes de variância para produção de leite usando os métodos de Máxima Verossimilhança Restrita e Bayesiano. **R. Bras. Zootec.**, v.38, n.8, p.1478 - 1487, 2009.

LUO, Z. W., WOOLLIAMS J. A.; THOMPSON, R. Controlling inbreeding in dairy MOET nucleus schemes. **Journal Animal Science**. v.60, n.3, p.379 - 387, 1995.

MOKHTARI M.S., MORADI SHAHRBABA M., ESMAILIZADEH, A. K., MORADI SHAHRBABA, H.,GUTIÉRREZ, J.P. Pedigree analysis of Iran-Black sheep and inbreeding effects 1 on growth and reproduction traits. **Small Ruminant Research**, v.116, n.1, p.14 – 20, 2014.

VIII Semana de Ciência e Tecnologia do IFMG campus Bambuí
VIII Jornada Científica e II Mostra de Extensão

NOBTRERG, E. & SORENSEN A. C. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel Shropshire, and Oxford Down. **Journal Animal Science**, v.85, p.299 – 304, 2007.