



INSTITUTO FEDERAL
MINAS GERAIS
Reitoria

Pró-Reitoria de Pesquisa, Inovação
e Pós-Graduação



SEMINÁRIO DE
INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Resumo Expandido

Título da Pesquisa: Avaliação dos efeitos da endogamia sobre métodos de seleção utilizando dados simulados		
Palavras-chave: Simulação, Endogamia, Métodos de Seleção.		
Campus: Bambuí	Tipo de Bolsa: PIBIC	Financiador: FAPEMIG
Bolsista (as): Jéssica Samara Leão Simões		
Professor Orientador: Rafael Bastos Teixeira		
Área de Conhecimento: Melhoramento Animal		

Resumo: A endogamia tem como principal efeito genético o aumento da homozigose e o aparecimento de genes recessivos que, geralmente, provocam alguma alteração na média do mérito individual. A medida do aumento da homozigose é dada pelo coeficiente de endogamia, que se torna expressivo quando há especificação de algum ponto no passado, de modo que todos os genes presentes na população passam a ser não-idênticos por descendência. O que ocorre de fato, é que pelo aumento de pares de genes em homozigose, muitas anomalias congênitas - que só se manifestam em homozigose recessiva - podem se manifestar. Utilizou-se o programa de simulação GENESYS, desenvolvido por EUCLYDES (1996) para simulação dos dados, do genoma, da população base, população inicial e análises dos diferentes métodos de seleção. Este trabalho teve por objetivo verificar os incrementos de endogamia em populações submetidas a diferentes métodos de seleção utilizando dados simulados. Após a análise constatou que a endogamia teve influência na análise dos métodos de seleção, principalmente em características de média a baixa herdabilidade, quando foi observada uma maior dificuldade em selecionarmos estas características devido à grande influência ambiental. Nesta análise percebemos que os marcadores não podem ser usados de forma indiscriminada. Independente do método estudado a variabilidade genética é de fundamental importância para mantermos um aumento constante no padrão genético dos animais selecionados.

INTRODUÇÃO:

A endogamia ou consanguinidade resulta do acasalamento, intencional ou não, de animais aparentados. Sua intensidade é função do grau de parentesco dos animais acasalados. Em rebanhos fechados ou populações pequenas, mesmo que os animais sejam acasalados ao acaso, é usual ocorrer alguma forma de consanguinidade porque todos os animais acabam se tornando aparentados (Penna, 2006). Na primeira metade deste século, a endogamia foi utilizada, juntamente com a seleção, visando aumentar a uniformidade em algumas raças bovinas.

Segundo PIRCHNER (1985), os criadores reconheceram tanto os perigos da endogamia na saúde e no desempenho da progênie, como também suas vantagens na consolidação de certas características, e ainda a imprevisibilidade, que parece ser inerente ao processo da endogamia. Apesar de seus riscos, a endogamia tem sido bastante usada por criadores de animais, principalmente, entre criadores de elite, com o objetivo de assegurar uniformidade racial e fixação de certas características em linhagens cujos produtos têm maior aceitação comercial. Em relação à endogamia, a preocupação com o aumento nos níveis de

consanguinidade tem se tornado o motivo principal da realização de inúmeros trabalhos, que abordam a escolha de estratégias de seleção mais apropriadas, considerando também seus aspectos negativos.

Buscando reduzir o tempo e a necessidade de animais e laboratórios que aumentam os custos e podem se tornar fatores limitantes no estudo do melhoramento animal, muitos pesquisadores utilizam técnicas de simulação. Essa abordagem permite a obtenção de um grande volume de dados em um curto período de tempo, sem os elevados custos de animais e de laboratórios.

A realização deste trabalho teve por objetivo verificar os incrementos de endogamia em populações submetidas a diferentes métodos de seleção utilizando dados simulados.

METODOLOGIA:

O projeto foi desenvolvido no laboratório de informática do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Minas Gerais - *Campus* Bambuí. Foi utilizado o programa de simulação GENESYS, desenvolvido por EUCLYDES (1996). Esse programa, elaborado para o compilador FORTRAN, possui capacidade de trabalhar com até cinco características simultaneamente, permitindo estabelecer desde interações não-aditivas entre genes para uma particular característica, como também correlações entre características. Apresenta-se, portanto, apropriado para simular genomas complexos, avaliar métodos de seleção, novas metodologias de seleção, etc.

A simulação do genoma, este constituirá de 250 loci quantitativos dialélicos distribuídos ao acaso em 31 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios, de comprimento total de 1.352 centimorgans; não foram simulados cromossomos sexuais; os efeitos aditivos dos genes seguiram a distribuição normal; não serão permitidas interações do tipo não-aditivas entre os genes; as frequências gênicas iniciais em ambos os sexos foram iguais; foi admitido, além do efeito fixo de sexo, um efeito fixo qualquer com 10 classes ou níveis; os efeitos de ambiente não controláveis foram simulados segundo a distribuição normal e variância que originem a herdabilidade em estudo; e as frequências iniciais dos loci quantitativos foram simuladas com distribuição uniforme e valor inicial médio de 0,50.

A única população-base simulada para o presente estudo constituir-se-á de 1.000 indivíduos, com igual proporção de machos e fêmeas. A partir da população-base, foi simulada uma população inicial ou população da geração zero, marcando-se o início dos laços de parentesco entre os indivíduos.

Foram avaliadas estas populações selecionadas quanto aos valores fenotípicos médios, ganho genético e coeficiente de endogamia médio. Os métodos de seleção utilizados nas populações simuladas foram: acasalamento ao acaso, marcadores moleculares, seleção por família, seleção individual, uso de marcadores juntamente com Índice de seleção e a seleção genotípica. Os diferentes métodos de seleção foram comparados no decorrer das gerações, através da avaliação dos seguintes parâmetros: valores fenotípicos médios, ganho genético e coeficiente de endogamia médio. As características simuladas foram: produção de gordura e produção de leite. Os valores de herdabilidades destas características utilizadas para o presente estudo foram respectivamente: 0,50 e 0,30.

Para isso foram simuladas duas populações, e observados seus comportamentos ao longo de 90 gerações, com 5 repetições de deste processo. A primeira população teve como objetivo a seleção da característica produção de gordura, a segunda população a seleção da característica produção de leite.

RESULTADOS E DISCUSSÕES:

A primeira população e segunda população, quando comparados os métodos de seleção utilizados, apresentaram os mesmos desenhos de curvas para o valor fenotípico e genético (FIGURA 1, 2, 3 e 4), demonstrando a eficiência da seleção em características de média a alta herdabilidade independente do método de seleção utilizado. Os melhores resultados foram obtidos pelo BLUP, seguido pela seleção individual, pelo método associado a marcadores moleculares e seleção entre famílias.

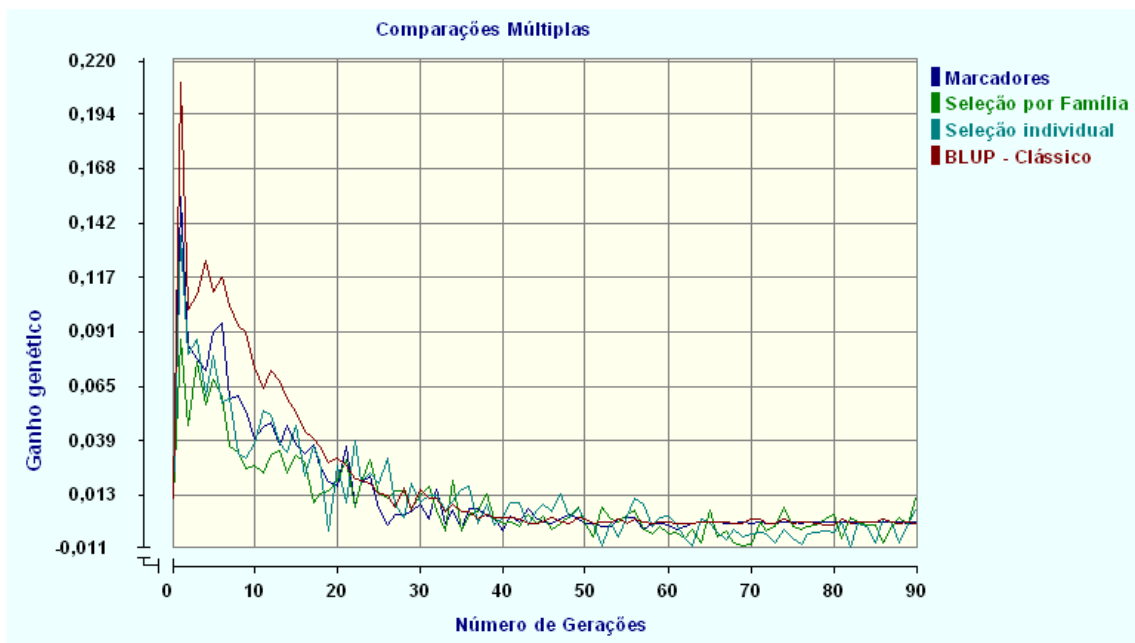


Figura 1- Valores dos ganhos genéticos médios obtidos para produção de gordura (Porcentagem) ao longo de 90 gerações estudadas

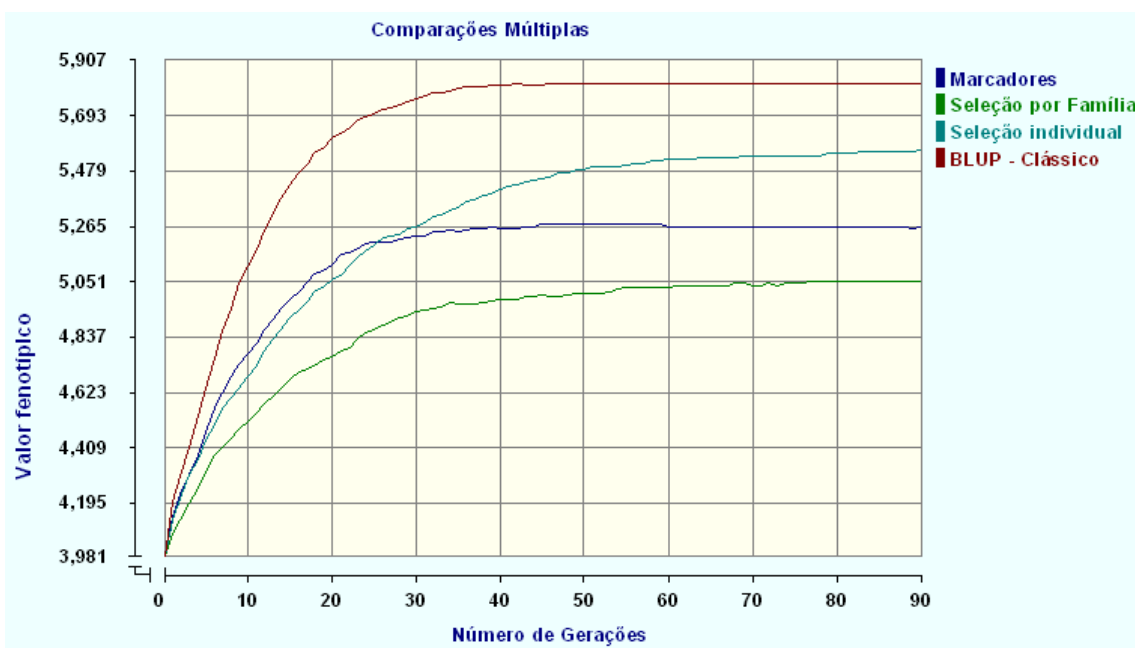
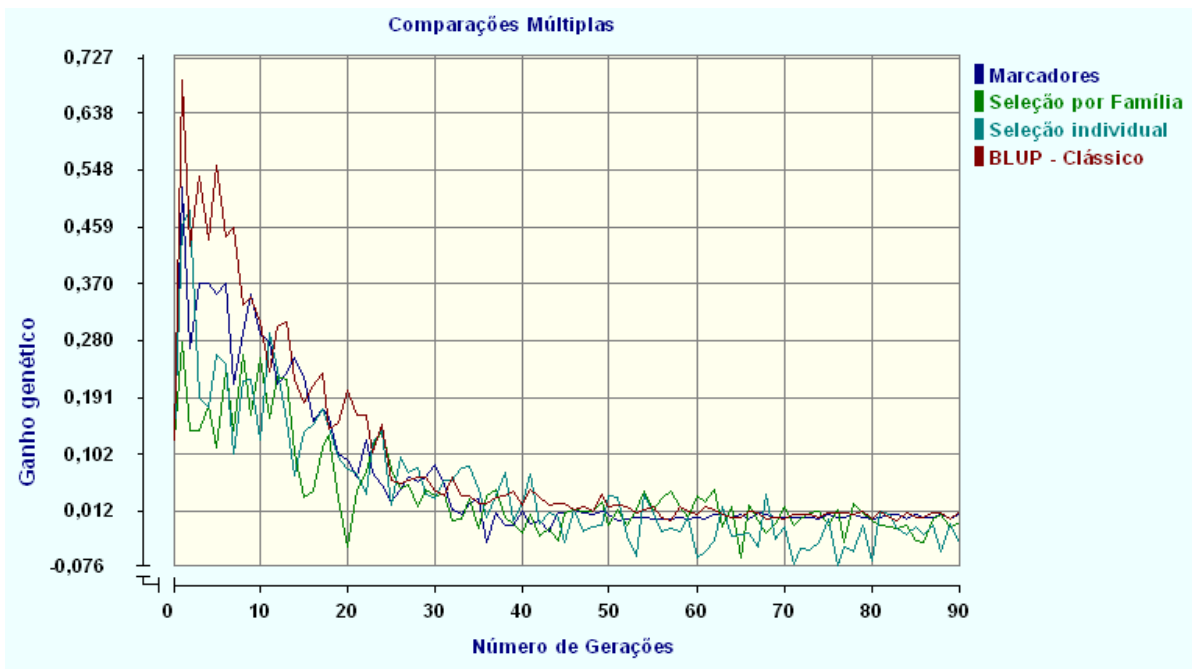


Figura 2- Valores fenotípicos médios obtidos para produção de gordura (Porcentagem) ao longo de 90 gerações estudadas



Na Figura 3- Valores dos ganhos genéticos médios obtidos para produção de leite (quilograma) ao longo de 90 gerações estudadas

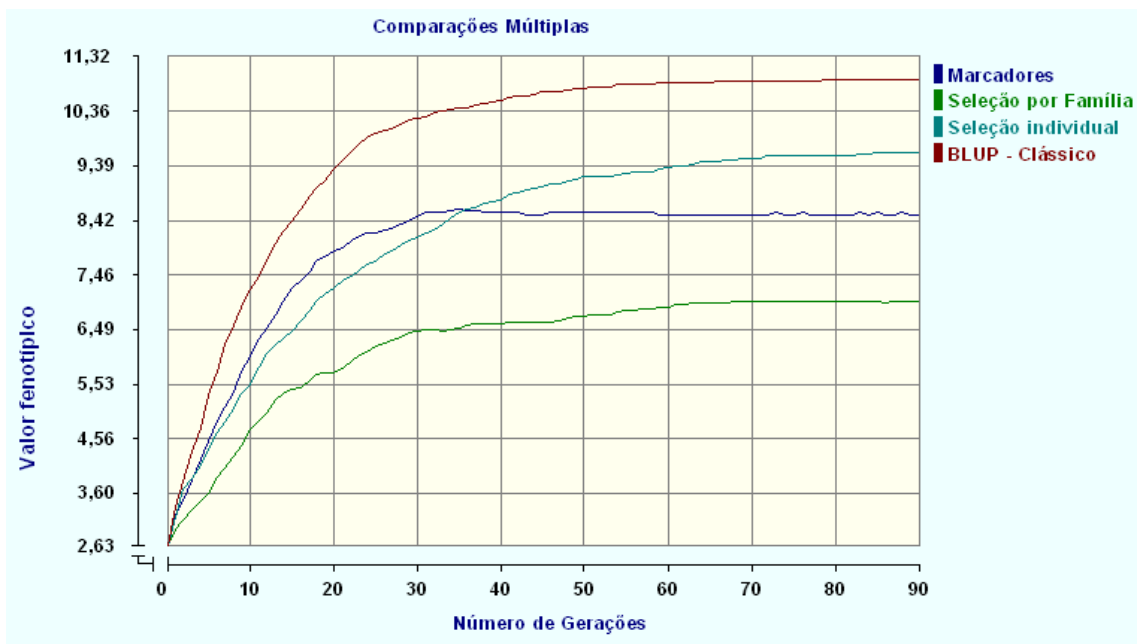


Figura 4- Valores fenotípicos médios obtidos para produção de Leite (Kilograma) ao longo de 90 gerações estudadas

O BLUP obteve os melhores resultados para a característica produção de leite e produção de gordura, porém causou um aumento no valor de consanguinidade, embora tenha proporcionado, desde o início, maiores desempenhos fenotípicos. Esse fato faz com que, no decorrer das gerações, o BLUP possa ser superado pela seleção individual, quanto aos valores de fenótipo. Isto pode ser explicado pelo fato da

seleção individual não fazer uso das informações de parentesco, resultando em menores valores de endogamia ao longo das gerações (FIGURA 5 e 6).

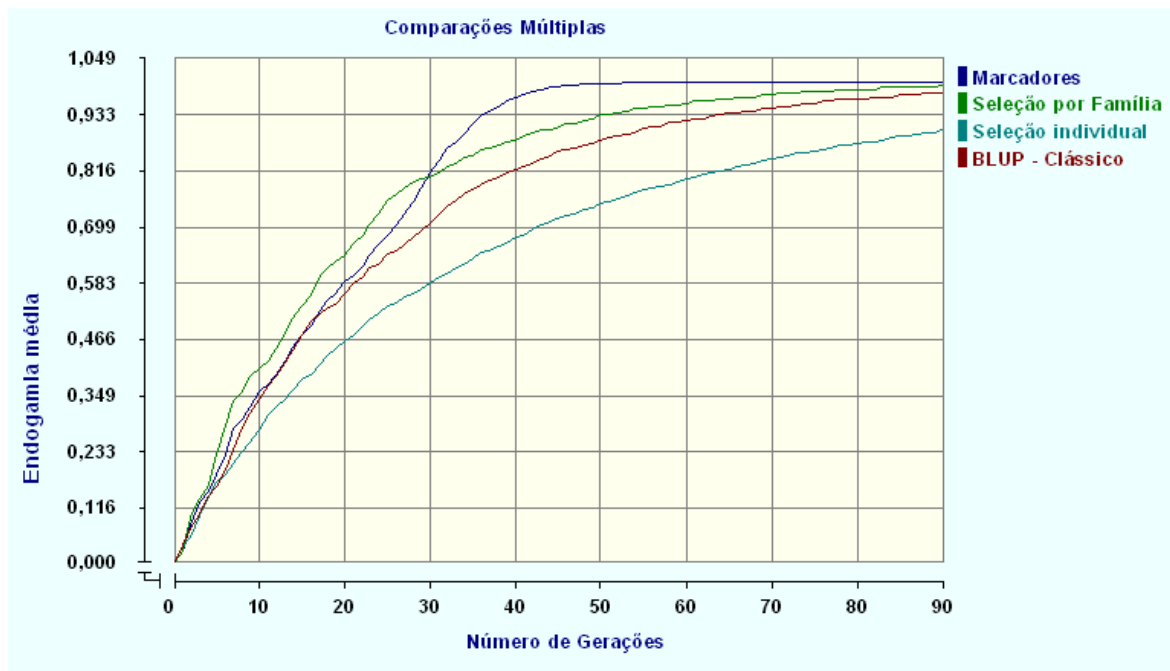


Figura 5- Valores de endogamia média obtidos para uma população selecionada para produção de gordura (Porcentagem) ao longo de 90 gerações estudadas.

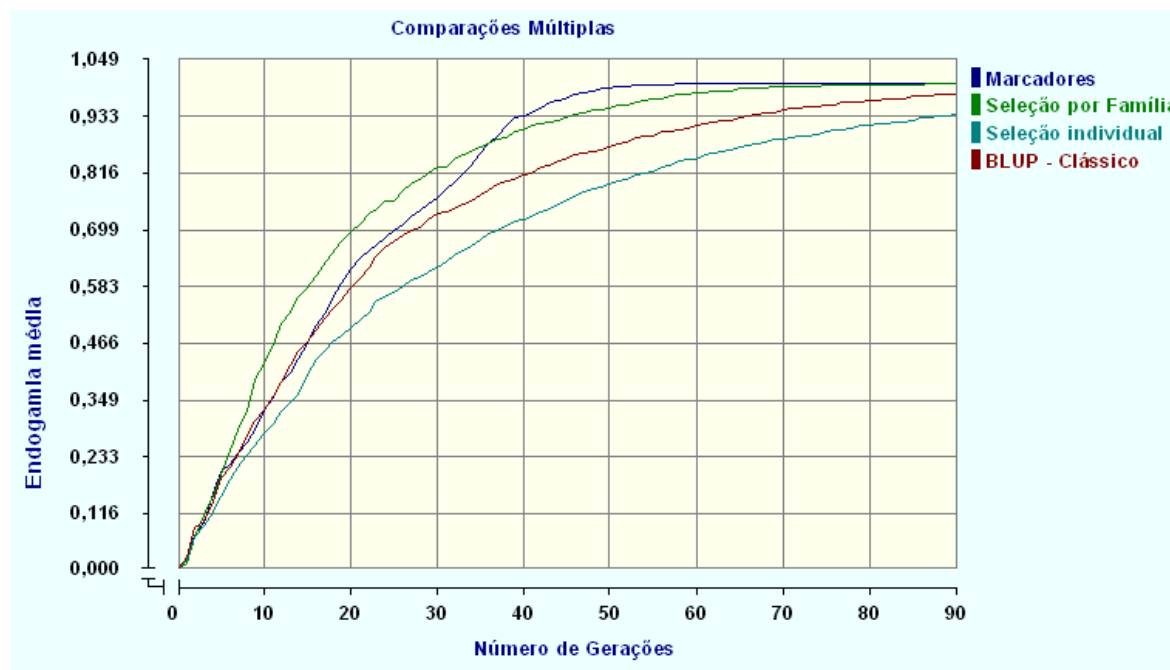


Figura 6- Valores de endogamia média obtidos para uma população selecionada para produção de leite (Kilograma) ao longo de 90 gerações estudadas.

EUCLYDES (1996), por sua vez, relatou melhor desempenho do BLUP até 25 gerações de seleção, quando este foi superado pela seleção individual, por ter provocado aumento acentuado da endogamia e, conseqüentemente, reduzido a variância genética aditiva.

Também QUINTON et al. (1992), utilizando dados simulados, mostraram que, em níveis baixos a moderados de endogamia, a seleção individual produziu maiores respostas genéticas do que o BLUP, o qual, na verdade, resultou em maiores respostas, mas, em contrapartida, elevou os níveis de endogamia.

EUCLYDES (1996), Comparando diferentes métodos de seleção, na presença de efeitos de ambiente, o BLUP obteve os melhores valores fenotípicos, durante todas as gerações. Métodos baseados em marcadores e seleção individual apresentaram valores semelhantes, durante 10 a 15 gerações. A partir deste ponto, os valores fenotípicos do método baseado em marcadores moleculares tenderam a estabilização, enquanto os valores fenotípicos dos demais métodos continuaram a crescer.

A seleção pelo uso de marcadores moleculares se mostrou bastante eficiente até 25 gerações na característica produção de gordura e 35 gerações na produção de leite, porém após estas gerações foi criado um desequilíbrio. Isto pode ser explicado pelo fato do método baseado em marcadores moleculares ter fixado um maior número de alelos favoráveis, porém também foi o que fixou maior número de alelos desfavoráveis gerando tal desequilíbrio.

A seleção entre famílias para produção de leite e gordura obteve o pior desempenho entre os métodos avaliados. Tendo apresentado os maiores valores de endogamia desde a primeira geração, o que pode ter ocasionado este baixo desempenho fenotípico e genético.

CONCLUSÕES:

A endogamia teve influência na análise dos métodos de seleção, principalmente em características de baixa a média herdabilidade, quando foi observada uma maior dificuldade em selecionarmos estas características devido à grande influência ambiental. Independente do método estudado a variabilidade genética é de fundamental importância para mantermos um aumento constante no padrão genético dos animais selecionados.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

EUCLYDES, R. F. Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1996. 149p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.

PENNA, Vânia Maldini. Genética e melhoramento animal / Vânia Maldini Penna -- Uberaba: FAZU/ABCZ, 2006. 83 pg. -- (Curso de Pós-graduação "lato sensu" em Julgamento das Raças Zebuínas, Módulo 4).

PIRCHNER, F. 1985. Genetic structure of populations.1. Closed populations or matings among related individual. In: Chapman, A.B. *General and quantitative genetics*. Amsterdam: Elsevier. p.227-248.

QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M.E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *Journal of Animal Science*, v.70, p.1060-1067, 1992.