

# Comparação de métodos de seleção em populações simuladas de frangos de corte

Claudine Gonçalves de Oliveira<sup>(1)</sup>, Elizângela Emídio Cunha<sup>(2)</sup>, Paulo Luiz Souza Carneiro<sup>(1)</sup>, Ricardo Frederico Euclides<sup>(2)</sup> e Carlos Henrique Mendes Malhado<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup>Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Dep. de Ciências Biológicas, Av. José Moreira Sobrinho, s/nº, Bairro Jequeizinho, CEP 45206-510 Jequié, BA. E-mail: claudinegoncalves@yahoo.com.br <sup>(2)</sup>Universidade Federal de Viçosa, Dep. de Zootecnia, Av. P. H. Rolfs, s/nº, CEP 36571-000 Viçosa, MG.

**Resumo** – Populações de frangos de corte foram simuladas utilizando-se o programa GENESYS, com o objetivo de avaliar a seleção com base no método da melhor predição linear não-viesada (BLUP – best linear unbiased prediction), a seleção individual para três tamanhos efetivos de população e três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados. Simulou-se um genoma constituído de uma característica quantitativa, com valor de herdabilidade igual a 0,30, em seleção praticada durante 15 gerações consecutivas, com 30 repetições por geração. Para um mesmo tamanho efetivo e sistema de acasalamento, o BLUP foi sempre superior à seleção individual nas 15 gerações de seleção avaliadas.

**Termos para indexação:** BLUP, seleção individual, sistemas de acasalamento, tamanho efetivo de população.

## Comparison of selection methods in simulated populations of broilers

**Abstract** – Populations of broilers were simulated by using the program Genesys, in order to evaluate the selection based on BLUP (best linear unbiased prediction), and the individual selection for three effective population sizes, and three mating systems of the selected reproducers. The simulated genome was constituted by a quantitative trait, which had heritability of 0.30, in a selection made during 15 consecutive generations, and 30 cycles for generation. BLUP was always superior to the individual selection during all generations evaluated with the same effective size and mating system.

**Index terms:** BLUP, individual selection, mating systems, effective population size.

### Introdução

A avicultura é a atividade agropecuária que apresenta os maiores índices de evolução no desempenho produtivo nas últimas décadas. Nesse contexto, não resta dúvida de que o melhoramento genético das aves contribui, de forma expressiva, para o progresso alcançado.

No melhoramento animal, deve-se sempre obter material genético produtivo a custo mais baixo, o que pode proporcionar lucro e sobrevivência num mercado competitivo. Para isso, nos programas de melhoramento, é preciso conhecer a eficiência de cada método de seleção e empregar o que resulte em maiores ganhos com menores custos. Nesse sentido, a simulação de populações tem sido muito usada pelos melhoristas, principalmente na comparação de métodos de seleção, pois seus custos são bastante reduzidos e sua utilização justificável, nas situações em que a obtenção de dados reais seria impossível (Torres Júnior, 1996).

A resposta à seleção para uma única característica depende da variabilidade genética, intervalo de geração, acurácia e intensidade de seleção e tamanho efetivo da população. Segundo Caballero (1994), o tamanho efetivo da população é a chave no processo evolutivo e na genética quantitativa, pois fornece a medida da taxa de oscilação genética e endogamia numa população.

Quinton et al. (1992) avaliaram métodos de seleção, sob mesma taxa de endogamia, e concluíram que a seleção com base no fenótipo apresentou melhores respostas do que os outros métodos de seleção estudados, quando o objetivo foi manter baixa a taxa de endogamia (1% por geração).

Segundo Lynch & Walsh (1999), o BLUP (melhor predição linear não-viesada) pode ser usado em situações de grande volume e complexidade das informações de pedigree, pois, quando tal método é utilizado para estimar o valor genético de um indivíduo, todas as informações disponíveis de seus parentes conferem à

seleção maior acurácia, o que resulta na obtenção de melhores respostas à seleção, em um intervalo de tempo menor. Contudo, esse método conduz ao aumento da endogamia, o que torna necessário um balanço de resposta à seleção a curto e longo prazos.

Como consequência da seleção com base na utilização dos valores genéticos preditos pelo BLUP, com implicações na seleção de indivíduos aparentados, ocorre a formação de linhagens ou famílias dentro da população – principalmente se esta for pequena. Toro et al. (1988), ao simular vários esquemas de acasalamento, chamaram a atenção para o fato de que se as informações de pedigree estão disponíveis para avaliações genéticas utilizando-se o BLUP, é mais que oportuno utilizá-las para planejar esquemas de acasalamento que reduzam a endogamia em populações finitas.

Um dos pontos determinantes do sucesso dos programas de melhoramento é a melhoria na precisão da estimativa dos valores genéticos dos animais, o que poderia ser conseguido pelo método de modelos mistos, para obtenção do BLUP. Entretanto, o BLUP tem sido pouco utilizado para seleção em aves.

O objetivo deste estudo foi comparar o BLUP e a seleção individual em populações de aves de corte, de diferentes tamanhos efetivos, sob diferentes sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados.

## Material e Métodos

Os dados utilizados nas avaliações foram obtidos por meio do programa de simulação GENESYS (Euclides, 1996), escrito para o compilador FORTRAN.

Foi simulado um genoma, semelhante ao de aves, constituído de uma característica quantitativa com valor de herdabilidade igual a 0,30. Esse genoma continha 200 locos quantitativos dialélicos, distribuídos ao acaso em 39 pares de cromossomos autossômicos de tamanhos aleatórios, com comprimento total de 2.000 cM. A distribuição matemática usada para a simulação das frequências gênicas iniciais dos locos quantitativos, nas populações, foi a uniforme, com média de 0,50; os efeitos fixos foram denominados EF1 e EF2, com dois e quatro níveis, respectivamente. Os efeitos de ambiente não-controláveis foram simulados conforme a distribuição normal.

A partir do genoma citado anteriormente, foi simulada uma população-base de 1.000 indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). Desta, foi construída uma população inicial, pela escolha e acasalamento ao acaso de

10 machos e 100 fêmeas, que produziram cinco descendentes por casal, num total de 500 indivíduos. Em seguida, foram formadas as populações de seleção num total de nove, correspondentes a três tamanhos efetivos de população (TE1, TE2 e TE3), e três sistemas de acasalamento, praticado entre os reprodutores selecionados para pais da geração seguinte – sem restrição quanto ao parentesco entre os reprodutores selecionados, isto é reprodutores acasalados aleatoriamente (RAA); com restrição quanto ao parentesco dos reprodutores selecionados e exclusão de irmãos completos (EIC); e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI). Em cada tamanho efetivo, os acasalamentos foram efetuados segundo os sistemas propostos (TE1-RRA, TE1-EIC, TE1-EICMI, TE2-RAA, TE2-EIC, TE2-EICMI, TE3-RAA, TE3-EIC, TE3-EICMI).

Todas as populações foram simuladas com quatro descendentes por acasalamento e número apropriado de fêmeas por reprodutor, que resultasse em populações com 1.000 indivíduos, diferentes entre si quanto ao seu tamanho efetivo. Assim, para as populações com tamanho efetivo 1 (TE1) de 333,34, foram escolhidos e acasalados, em cada geração, 125 machos e 250 fêmeas; nas populações com tamanho efetivo 2 (TE2) de 166,67, foram escolhidos e acasalados, em cada geração, 50 machos e 250 fêmeas; e naquelas com tamanho efetivo 3 (TE3) de 90,91, os acasalamentos foram efetuados entre 25 machos e 250 fêmeas, em cada geração.

O cálculo do tamanho efetivo dessas populações foi baseado na fórmula proposta por Wright (1931), citada por Falconer (1987):

$$1/N_e = 1/4N_m + 1/4N_f$$

em que  $N_e$  é o tamanho efetivo da população,  $N_m$  é o número de machos e  $N_f$  é o número de fêmeas acasaladas.

A seleção foi praticada durante 15 gerações consecutivas e discretas, utilizando-se a seleção individual (SI) e os valores genéticos preditos pelo BLUP com 30 repetições, por geração, para reduzir os efeitos da oscilação genética.

As populações submetidas à seleção individual e a baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP foram avaliadas quanto aos seus resultados de valores fenotípicos médios, no decorrer das gerações, considerando-se os diferentes sistemas de acasalamento e tamanhos efetivos da população. Parâmetros como

perdas por fixação de alelos desfavoráveis, ganhos pela fixação de alelos favoráveis e limites da seleção serviram de reforço nas comparações.

### Resultados e Discussão

Na Figura 1 são apresentados os valores fenotípicos médios, observados ao longo de 15 gerações de seleção utilizando-se a seleção individual (SI) e a baseada nos valores genéticos, obtidos pela melhor previsão linear não-viesada (BLUP) para populações com tamanho efetivo 1 ( $TE1 = 333,34$ ), e para os sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (RAA, EIC e EICMI), respectivamente.

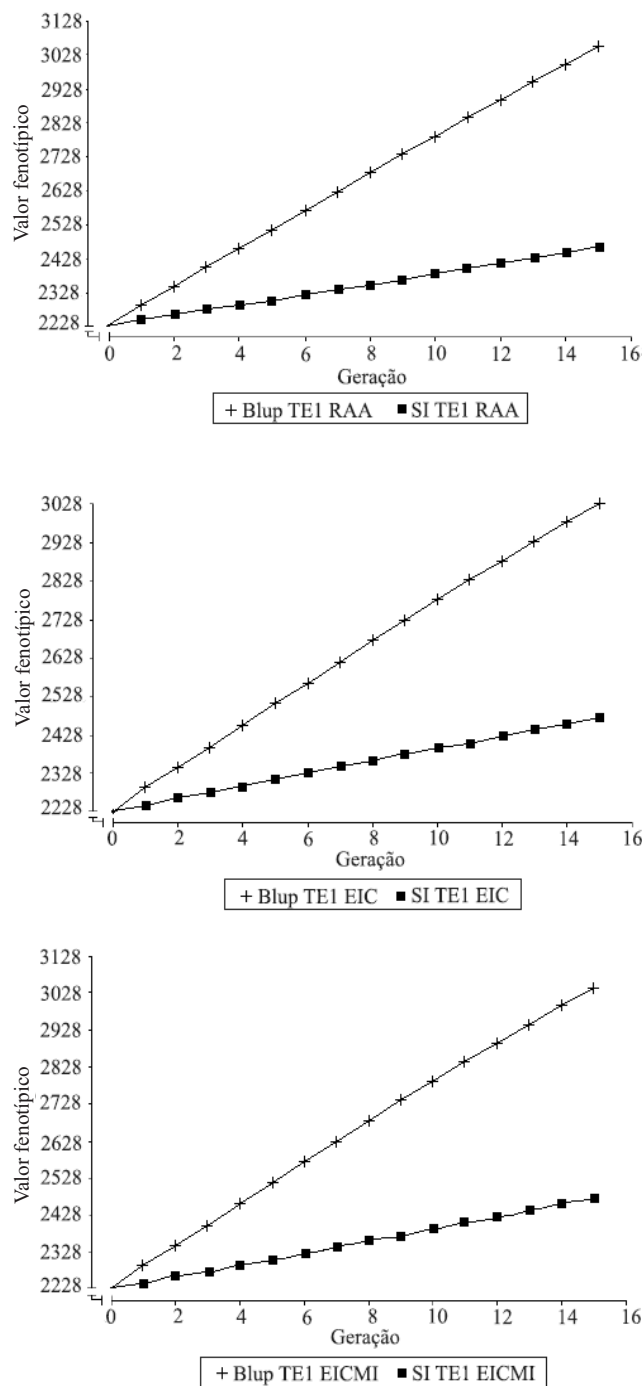
Houve ganhos crescentes em valores fenotípicos, tanto para a SI quanto para o BLUP, nos diferentes sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (Figura 1).

Comparando-se os ganhos em valores fenotípicos médios, obtidos por meio da SI e do BLUP, observam-se diferenças entre eles, tendo sido o BLUP superior à SI, no decorrer das gerações para as populações com tamanho efetivo TE1. Nesse tamanho, a seleção com base nos valores genéticos preditos pelo BLUP mostrou-se superior à SI, considerando-se todos os sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados, ao longo das gerações.

Tais resultados indicam que o BLUP tem potencial para ser utilizado na seleção de características de desempenho, em populações de aves de corte que apresentam herdabilidade de média a alta. Pereira (1999) apresentou estimativas de herdabilidades para diferentes características econômicas de aves, para as quais o peso corporal foi de 0,25 a 0,65, a profundidade corporal de 0,20 a 0,50, e a idade à maturidade sexual, de 0,15 a 0,30.

Ao trabalhar com populações simuladas de aves, Jeyaruban et al. (1995) concluíram que a avaliação com o BLUP conduziu à maior resposta à seleção do que diferentes índices de seleção. Trabalhos com outras espécies também mostram a superioridade do BLUP em relação à SI. Autores como Mabry et al. (1987), Belonsky & Kennedy (1988), Euclides (1996) e Carneiro (1999) observaram superioridade do BLUP em relação à SI, principalmente nas gerações iniciais de seleção e para características de baixa herdabilidade, quando a eficiência do BLUP é comprovadamente maior (Caballero, 1994). 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 dos parentes de candidatos à seleção,



**Figura 1.** Valores fenotípicos médios, observados utilizando-se os métodos de seleção individual (SI) e melhor previsão linear não-viesada (BLUP) com reprodutores acasalados ao acaso (RAA), exclusão de irmãos completos (EIC) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI).

de forma a otimizar a resposta genética em curto prazo (Verrier et al., 1993).

Robinson et al. (1989) compararam o progresso genético, durante 20 gerações, resultante da avaliação dos animais com utilização do BLUP e de um índice de seleção. Verificaram que, em geral, o BLUP proporcionou maior resposta genética do que o índice de seleção proposto. Verrier et al. (1993), ao verificarem os efeitos da seleção, em pequenas e grandes populações, usando um índice de seleção BLUP e seleção individual, concluíram que a seleção com o BLUP maximizava o ganho genético em grandes populações.

Houve aumentos nas taxas de fixação de alelos, favoráveis e desfavoráveis para a SI e o BLUP, considerando-se os sistemas RAA e TE1 (Figura 2).

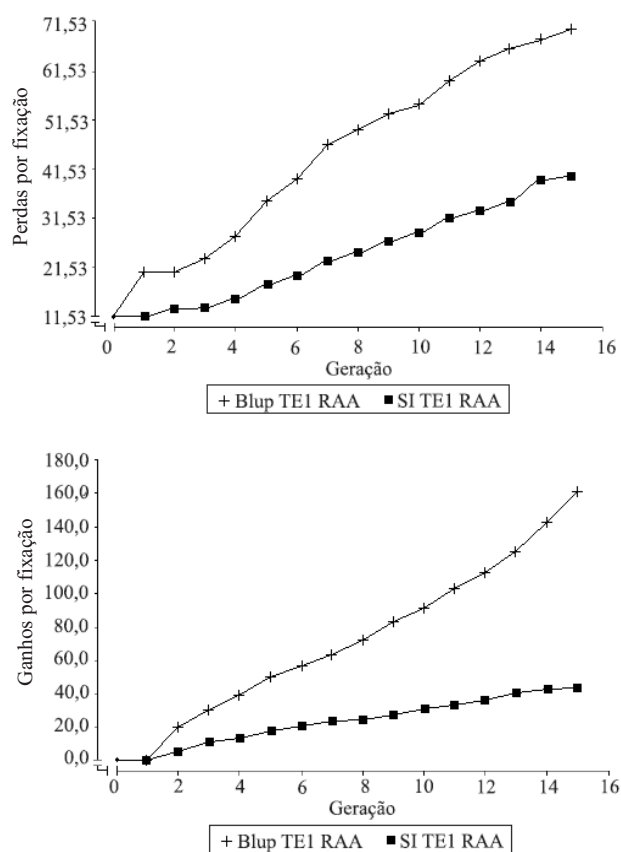
O BLUP conduziu a maiores taxas de fixação de alelos, favoráveis e desfavoráveis em relação à SI, o que levou a perda de variabilidade genética e reduções no limite da seleção de forma mais acentuada, no decorrer das gerações (Figura 3). Igualmente, isto parece estar relacionado ao fato de esse método atribuir grande importância às informações de parentesco, o que conduz a maiores taxas de endogamia e, segundo Falconer (1987), tende a aumentar a frequência de fixação de alelos desfavoráveis. Outro fato que pode contribuir para isso é a existência de correlações genéticas positivas entre alelos favoráveis e desfavoráveis, indicando que ao serem fixados os alelos favoráveis, os desfavoráveis também o seriam. Euclides (1996) cita que o BLUP é capaz de localizar indivíduos portadores de locos quantitativos “importantes” e fixá-los nos alelos favoráveis. Contudo, durante a fixação de alelos de maiores valores fenotípicos, ocorrem perdas, ou seja, fixações nos alelos desfavoráveis de locos de menor importância; juntas, todas essas fixações respondem por considerável redução na variabilidade genética.

Para o limite da seleção, foram observados decréscimos ao longo das gerações, no TE1 e RAA, pelos métodos BLUP e SI (Figura 3), tendo sido constatados resultados semelhantes para os outros tamanhos efetivos e sistema de acasalamento dos reprodutores selecionados. Observou-se que o BLUP levou a maior redução no limite da seleção do que a SI. Isto se deve ao fato de a seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP conduzir a maior fixação de alelos, tanto favoráveis quanto desfavoráveis (Figura 2), o que pode com-

prometer a utilização desse método na seleção de aves de corte a longo prazo.

De acordo com Falconer (1987), não se espera resposta à seleção indefinidamente. Após determinado número de gerações, todos os alelos favoráveis, que estejam segregando serão fixados. À medida que os alelos favoráveis se aproximarem da fixação, haverá redução na resposta à seleção, de maneira que ao cessar a resposta, a população é dita estar em seu limite de seleção.

Siegel & Dunnington (1997) citam que o tamanho efetivo das populações afeta não somente a taxa de mudanças nas características sob seleção, como também o tempo para se alcançar o limite da seleção. Os limites podem ocorrer como consequência da perda ou fixação de alelos.



**Figura 2.** Perdas e ganhos por fixação de alelos desfavoráveis, observadas utilizando-se SI e BLUP com reprodutores acasalados ao acaso (RAA).

Eisen (1980), ao trabalhar com ratos em programas de seleção em longo prazo, observou que o número de gerações necessárias, para se alcançar o limite da seleção e a resposta máxima, tende a aumentar à medida que aumenta o tamanho efetivo da população.

Na Figura 4 são apresentados os valores fenotípicos médios observados ao longo de 15 gerações de seleção utilizando-se o BLUP, para populações com tamanhos efetivos 1 (TE1 = 333,34), 2 (TE2 = 166,67) e 3 (TE3 = 90,91), considerando-se os três sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (RAA, EIC e EICMI, respectivamente).

De modo geral, os diferentes sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados não exerceram influência sobre o aumento dos valores fenotípicos em todos os tamanhos efetivos. Os sistemas que excluem acasalamentos de irmãos (EIC e EICMI) mostraram-se ligeiramente superiores, em valor fenotípico, ao acasalamento ao acaso (RAA), ao longo das gerações de seleção (Figura 4). Esse resultado era esperado e destaca a importância do uso de acasalamentos controlados, com restrição aos acasalamentos entre irmãos, principalmente para populações de menor tamanho efetivo (TE3).

Cunha (2003) observou que à medida que a razão sexual aumenta, ocorre menor distinção entre os tipos de acasalamento e redução no número de gerações para se atingir os valores fenotípicos de estabilização. Tais fatos podem estar associados ao decréscimo observado no tamanho efetivo de popula-

ção, que se tornou o fator mais importante em limitar a resposta à seleção.

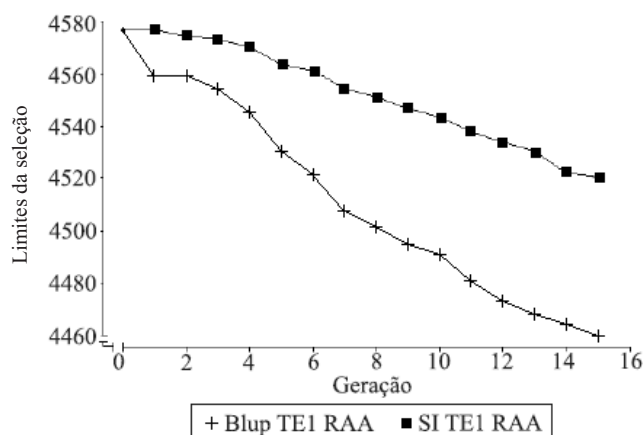


Figura 3. Limites da seleção observados, utilizando-se SI e BLUP, com reprodutores acasalados ao acaso (RAA).

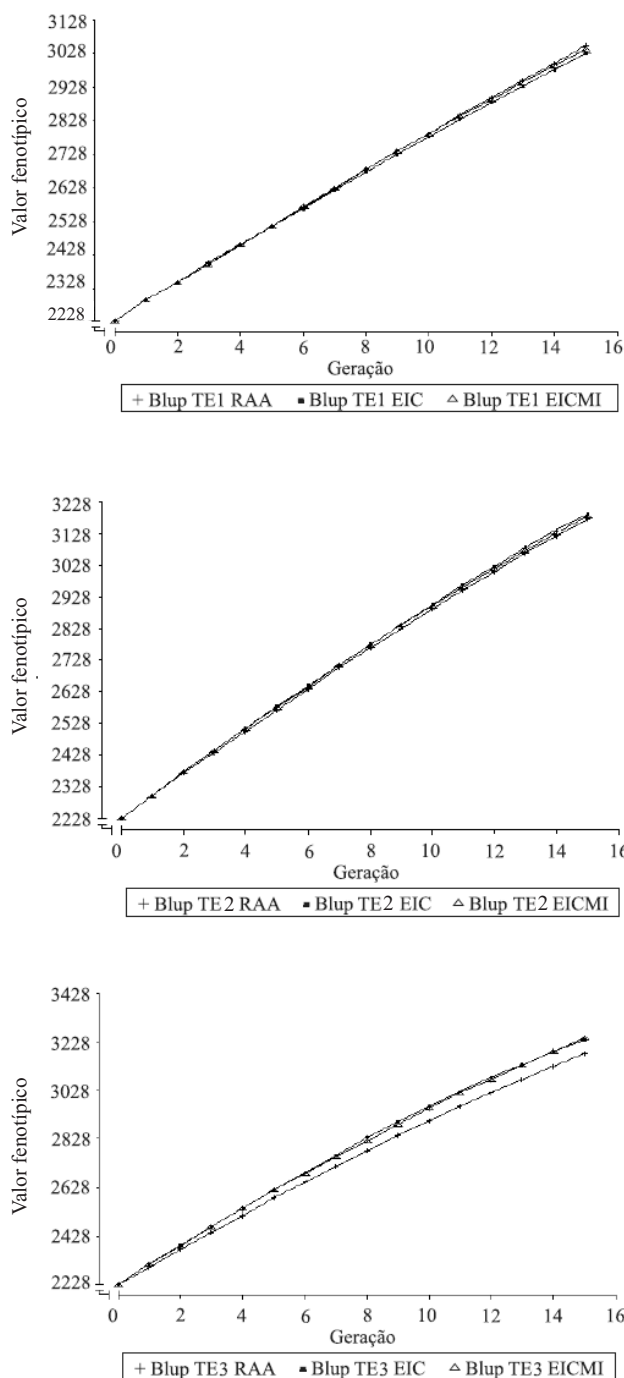


Figura 4. Valores fenotípicos médios observados, utilizando-se o BLUP com reprodutores acasalados ao acaso (RAA), exclusão de irmãos completos (EIC) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI), para tamanho efetivo 1 (TE1), tamanho efetivo 2 (TE2) e tamanho efetivo 3 (TE3).

## Conclusões

1. Para as estruturas de populações, número de gerações e herdabilidade da característica estudadas, os resultados obtidos com uso do BLUP exibem superioridade em relação àqueles da seleção individual.

2. O método BLUP é útil para programas de seleção de aves de corte, quanto às características de desempenho na obtenção de ganho genético.

## Agradecimentos

À Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) e ao CNPq, pelo apoio financeiro.

## Referências

- BELONSKY, G.M.; KENNEDY, B.W. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. **Journal of Animal Science**, v.66, p.1124-1131, 1988.
- CABALLERO, A. Developments in the prediction of effective population size. **Heredity**, v.73, p.657-679, 1994.
- CARNEIRO, P.L.S.; EUCLYDES, R.F.; SILVA, M.A.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, A.P.S.; TORRES FILHO, R.A. Efeito de erros de pedigree na seleção. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.262-274, 1999.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; RIBEIRO JÚNIOR, J.I.; CARNEIRO, P.C.S. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.32, p.1297-1303, 2003.
- EISEN, J. Conclusions from long-term selection experiments with mice. **Journal Series of the North Carolina Agricultural Research Service**, v.97, p.305-319, 1980.
- EUCLYDES, R.F. **Uso do sistema para simulação Genesys na avaliação de métodos de seleção clássicos e associados a marcadores moleculares**. 1996. 149p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.
- JEYARUBAN, M.G.; GIBSON, J.P.; GOWE, R.S. Comparison of index selection and best linear unbiased prediction for simulated layer poultry data. **Poultry Science**, v.74, p.1566-1576, 1995.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analyses of quantitative traits**. Sunderland: Sinauer Associates, 1999.
- MABRY, J.W.; BENYSHEK, L.L.; JOHNSON, M.H. Comparison of methods for ranking boards from different central test station. **Journal of Animal Science**, v.65, p.56-63, 1987.
- PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. Belo Horizonte: FEP-MVZ, 1999. 493p.
- 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.
- ROBINSON, J.A.B.; WILTON, J.W.; SCHAFFER, L.R. Accuracy of selection index and best linear unbiased prediction for within-herd selection with assortative mating of beef cattle. **Canadian Journal of Animal Science**, v.69, p.315-322, 1989.
- SIEGEL, P.B.; DUNNINGTON, E.A. Genetic selection strategies-population genetics. **Poultry Science**, v.76, p.1062-1065, 1997.
- TORO, M.A.; NIETO, B.; SALGADO, C. A note on minimization of inbreeding in small-scale selection programmes. **Livestock Production Science**, v.20, p.317-323, 1988.
- TORRES JÚNIOR, R.A.A. **Eficiência das informações de diferentes grupos contemporâneos na avaliação genética de suínos utilizando modelos mistos em procedimentos uni e multivariados**. 1996. 117p. Tese (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- VERRIER, E.; COLLEAU, J.J.; FOULLEY, J.L. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, p.446-454, 1993.

---

Recebido em 25 de maio de 2004 e aprovado em 7 de março de 2005