

Seleção tradicional e associada a marcadores moleculares na avaliação genética animal

Paulo Luiz Souza Carneiro⁽¹⁾, Carlos Henrique Mendes Malhado⁽¹⁾, Ricardo Frederico Euclides⁽²⁾, Robledo de Almeida Torres⁽²⁾, Paulo Sávio Lopes⁽²⁾, Antonio Policarpo Souza Carneiro⁽³⁾ e Elizângela Emídio Cunha⁽²⁾

⁽¹⁾Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Dep. de Ciências Biológicas, Laboratório de Genética Molecular, Av. José Moreira Sobrinho, CEP 45200-000 Jequié, BA. E-mail: pcarneiro@gmail.com, malhado@uesb.br ⁽²⁾Universidade Federal de Viçosa, Dep. de Zootecnia, CEP 36570-000 Viçosa, MG. E-mail: rbaja@ufv.br, rtorres@ufv.br, eliz.cunha@ufv.br ⁽³⁾Universidade Estadual do Oeste do Paraná, Centro de Ciências Agrárias, Caixa Postal 91, CEP 85960-000 Marechal Cândido Rondon, PR. E-mail: policarposc@bol.com.br

Resumo – O objetivo deste trabalho foi comparar a seleção, utilizando valores genéticos preditos pelo BLUP clássico (BLUP), BLUP marcadores (BLUPM) e pela seleção individual (SI), usando simulação com o programa Genesys. Para obter a matriz de similaridade genética utilizada no BLUPM, foram simulados cem marcadores moleculares do tipo microssatélite (SSR – Simple Sequence Repeat), por meio de um coeficiente de similaridade correspondente à distância euclidiana média para dados quantitativos. A fim de comparar os diferentes métodos, utilizaram-se populações com tamanho efetivo de 66,66 e média de 30 repetições, avaliando-se os valores fenotípicos médios. Os ganhos ao longo das 20 gerações de seleção foram maiores para o BLUP em relação ao BLUPM, e este foi superior à SI. Quanto ao ganho obtido nas cinco primeiras gerações, o BLUPM apresentou ganhos semelhantes ao BLUP e superiores à SI. Diferentes sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados não revelaram diferenças em ganho genético nos métodos baseados no BLUP.

Termos para indexação: BLUP, seleção fenotípica, simulação, sistemas de acasalamento.

Traditional and associated selection with molecular markers in the genetic evaluation of animals

Abstract – The objective of this work was to compare selection based on breeding values predicted by classical best linear unbiased prediction (BLUP), BLUP associated with molecular markers (BLUPM) and individual selection (IS) using data simulated with the Genesys program. To obtain the genetic similarity matrix to be used in BLUPM, a hundred microsatellite markers (simple sequence repeats) were simulated using a similarity coefficient corresponding to the mean Euclidean distance between quantitative data. The different selection methods were compared using populations of an effective size of 66.66 and a mean of 30 repetitions, and mean phenotypic values were determined. Genetic gain obtained over 20 generations of selection was higher for BLUP than BLUPM, which in turn was superior to IS. Similar genetic gains were obtained for BLUPM and BLUP only when the gain for the first five generations was considered, and these gains were higher than those obtained with IS. Selected reproducers mating systems did not lead to differences in genetic gain for the BLUP-based methods.

Index terms: BLUP, phenotype selection, simulation, mating systems.

Introdução

O objetivo do melhoramento animal é obter material genético com maior produtividade a menores custos. Dessa maneira, empresas de melhoramento conseguem manter a lucratividade e a sobrevivência num mercado cada vez mais competitivo. Para isso, é necessário conhecer a eficiência relativa de cada método de seleção e empregar o que proporciona maiores ganhos genéticos, a menores custos e no menor tempo possível.

A simulação de dados tem sido muito usada pelos geneticistas, permitindo a comparação de métodos de seleção em situações nas quais a obtenção de dados reais seria impossível e com custos mais baixos, comparado a experimentos tradicionais.

Ao longo dos anos, vários procedimentos têm sido desenvolvidos para predizer o valor genético dos animais. Entretanto, as aplicações aos dados coletados em condições de campo podem conduzir a erros de avaliação, quando as informações de pedigree são

incorretas e os procedimentos levam em considerações tais informações (Carneiro, 1998). É o caso da obtenção BLUP (Henderson, 1963) usando o modelo animal, que considera informações de diversos parentes, fornecendo predições mais precisas do valor genético dos animais.

Segundo Henderson (1975), o rigor da predição dos valores genéticos pode ser melhorado pela utilização de todas as informações de parentesco entre os animais que estão sendo avaliados. A metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP utiliza a matriz do numerador do coeficiente de parentesco, que inclui todas as informações de parentes disponíveis. O uso da matriz completa do numerador do coeficiente de parentesco faz com que a seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP apresente superioridade sobre outros métodos de seleção, especialmente quanto a características de baixa herdabilidade, em que o BLUP enfatiza as informações de parentes, em detrimento das informações do próprio indivíduo. Esta superioridade foi relatada por Belonsky & Kennedy (1988), Keele et al. (1988), Sorensen (1988), Robinson et al. (1989), Long et al. (1990), Mabry & See (1990), Kuhlert & Kennedy (1992), Quinton et al. (1992), Verrier et al. (1993), Jeyaruban et al. (1995), Euclides (1996) e Carneiro (1998).

Long et al. (1990) observaram vantagens nas expectativas de ganhos genéticos por meio da seleção com base nos valores genéticos preditos pelo BLUP, sem erros de pedigree, sobre a seleção individual de 30,8, 22,0 e 7,2%, para as herdabilidades 0,13, 0,18 e 0,53, respectivamente. Comparado ao BLUP sem erros de pedigree, o BLUP com 20% de erros apresentou reduções de 12,4, 9,3 e 3,8%, na expectativa de ganhos genéticos, para as herdabilidades 0,13, 0,18 e 0,53, respectivamente.

Carneiro (1998) verificou, quanto à característica com herdabilidade 0,10, redução média no ganho genético por geração causada pelo uso de informações incorretas no arquivo de pedigree. Esta redução foi de 8,9, 5,3, 4,1 e 1,5%, respectivamente, para 20, 15, 10 e 5% de erros, em relação ao BLUP aplicado a conjunto de dados sem erros de pedigree.

Nos arquivos de dados de animais, os erros de pedigree prejudicam avaliações genéticas, causando prejuízos. Assim, recentemente, tem-se estudado a possibilidade da utilização de informações de similaridade genética, via marcadores moleculares, na aplicação da metodologia de modelos mistos para obtenção do BLUP,

como no trabalho de Euclides (1996). Entre as técnicas para se obter os marcadores moleculares, as mais comuns são RAPD, microssatélites, AFLP, SAMPL, RFLP e minissatélites.

Os marcadores moleculares têm sido muito utilizados também na caracterização de populações, de acordo com Kuhnlein et al. (1989), Gilbert et al. (1991), Mannen et al. (1993), Vierling et al. (1994), Yang et al. (1999) e Almeida et al. (2000).

O objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência do BLUP, utilizando matriz de parentesco obtida por meio das informações de pedigree, em relação ao BLUPM, utilizando matriz de similaridade calculada por meio de marcadores moleculares, e em relação à seleção individual.

Material e Métodos

Os dados utilizados foram obtidos por meio do programa de simulação Genesys (Euclides, 1996), que reúne nove programas, escrito para o compilador Fortran e que permite a simulação de genomas de certa complexidade para estudos de métodos de seleção, testes de pressuposições e avaliações de novas metodologias de seleção. Esse programa vem sendo utilizado em vários trabalhos desenvolvidos na Universidade Federal de Viçosa, principalmente na comparação de método de seleção ao longo de várias gerações, sob certas particularidades, que não são possíveis através da utilização de dados reais. Detalhes sobre o programa Genesys foram apresentados por Euclides & Guimarães (1997).

Simulação do genoma

Foi simulado um genoma constituído de uma característica quantitativa com valor de herdabilidade igual a 0,10. O genoma foi simulado com 200 locos quantitativos polialélicos (8 alelos), com frequências alélicas iniciais baseadas na distribuição uniforme e com valor inicial médio de 0,50. Estes locos foram distribuídos ao acaso em 15 pares de cromossomos autossômicos, de tamanhos aleatórios, em genoma de dois mil centimorgans de comprimento; foram simulados apenas efeitos aditivos dos locos quantitativos, segundo a distribuição normal. Os locos quantitativos não possuíam desvios de dominância nem interações entre si; as frequências alélicas iniciais foram iguais em ambos os sexos; a distribuição matemática usada para a simulação das frequências iniciais dos locos quantitativos nas

populações foi a uniforme, com média de 0,50; os efeitos fixos foram EF1, EF2 e EF3 com 10, 4 e 6 níveis, respectivamente; os efeitos de ambiente não controláveis foram simulados, conforme a distribuição normal; e para cálculo da matriz de similaridade genética por meio de marcadores moleculares, foram utilizados 100 marcadores do tipo microsatélite.

Simulação das populações

A partir do genoma descrito anteriormente, foi simulada uma população-base de 1.000 indivíduos (500 machos e 500 fêmeas). A partir dessa população, foi formada a população inicial, pela escolha e acasalamento ao acaso de 10 machos e 100 fêmeas, produzindo cinco descendentes por acasalamento, totalizando 500 indivíduos. Em seguida, foram formadas três populações para seleção, e em cada uma foi aplicado um sistema de acasalamento entre os animais selecionados: acasalamento aleatório, RAA; acasalamento com exclusão de irmãos completos, EIC; e acasalamento com exclusão de irmãos completos e meio-irmãos, EICMI.

A seleção foi praticada durante 20 gerações consecutivas, utilizando-se a seleção individual (SI) os valores genéticos preditos pelo BLUP clássico (BLUP) (utilizando informações de genealogia ou pedigree) e os valores genéticos preditos pelo BLUP marcadores (BLUPM) (utilizando matriz de similaridade genética calculada por meio de marcadores moleculares). Foram realizadas 30 repetições por geração a fim de reduzir os efeitos da oscilação genética que poderiam gerar dúvida na comparação das metodologias de predição.

A cada geração, foram selecionados 20 machos e 100 fêmeas e gerados 5 descendentes por acasalamento, totalizando 500 indivíduos (tamanho efetivo de 66,66). O BLUPM diferenciou-se do BLUP clássico basicamente na obtenção da matriz de parentesco A e de sua inversa A^{-1} . Na metodologia clássica, a matriz de parentesco é construída de tal modo que os elementos da diagonal representem o grau de semelhança de indivíduos com eles mesmos, portanto, igual a 1 mais o coeficiente de endogamia deste indivíduo, enquanto os elementos fora da diagonal representam os numeradores do coeficiente de parentesco de Wright entre os indivíduos.

Como cada descendente direto recebe metade de seu conteúdo genético de cada um dos pais, o grau de parentesco entre pais e filhos é sempre igual a 0,5. Entretanto, para irmãos completos, meio-irmãos ou qualquer outro grau de parentesco, os indivíduos possuem

alelos comuns dentro de determinado grau de probabilidade. Infere-se, por exemplo, que irmãos completos possuam, em média, 50% dos alelos em comum, porém este valor para dois irmãos quaisquer pode variar de 0 a 100%. Na relação entre meio-irmãos, calcula-se em média 25% de alelos comuns, e pode variar de 0 a 50%.

Para se obter a estimativa mais real da porcentagem de alelos em comum, entre os indivíduos de uma população, foram utilizados marcadores moleculares na construção de uma matriz de similaridade genética, para substituição da matriz A , na metodologia BLUP.

A matriz de similaridade genética foi calculada considerando todos os marcadores moleculares, no caso multialélicos, mediante um coeficiente de similaridade correspondente à distância euclidiana média para dados quantitativos, pela fórmula $S_{WY} = \frac{1}{\sqrt{p}} \left(\sum_{i=1}^p (X_i - X_j)^2 \right)^{1/2}$, em que S_{WY} é o grau de similaridade entre os indivíduos W e Y ; p é o número de locos; $X_i - X_j$ é a frequência de alelos coincidentes, em que a diferença $X_i - X_j$ assumiu os valores 0, 0,5 e 1,0.

A matriz A , obtida por S gerada, foi invertida por método direto e usada na BLUP, como se fosse a matriz A^{-1} . O BLUP modificado, usando a matriz de similaridade genética, foi chamado de BLUPM.

Parâmetros usados nas avaliações

A comparação entre as diferentes metodologias (SI, BLUP e BLUPM) foi feita com base nos valores fenotípicos médios obtidos nas 30 repetições simuladas (Euclydes, 1996; Carneiro et al., 1999, 2001; Corrêa, 2001; Fonseca et al., 2001; Cunha et al., 2003).

Também foram calculados os valores de eficiência do BLUP e do BLUPM, em relação a SI nos dois períodos, até a 5ª geração e até a 20ª geração, por meio das seguintes expressões:

$$E_{BLUP(t)} = \frac{\Delta G_{BLUP}}{\Delta G_{SI}} \text{ e } E_{BLUPM(t)} = \frac{\Delta G_{BLUPM}}{\Delta G_{SI}}, \text{ em que}$$

$E_{BLUP(t)}$ e $E_{BLUPM(t)}$ representam a eficiência do BLUP e do BLUPM, respectivamente, em relação à SI até a geração t (5 ou 20); ΔG_{BLUP} , ΔG_{BLUPM} e ΔG_{SI} são os ganhos genéticos obtidos pelo BLUP, BLUPM e SI, respectivamente. Os ganhos genéticos ΔG_{BLUP} , ΔG_{BLUPM} e ΔG_{SI} foram calculados pelas diferenças entre os valores fenotípicos obtidos nas gerações 5 e 0 (até a geração 5) e nas gerações 20 e 0 (até a geração 20), para o BLUP, o BLUPM e a SI, respectivamente.

Resultados e Discussão

Na (Figura 1) são apresentados os valores fenotípicos médios obtidos de 30 repetições, utilizando-se a seleção individual (SI), a seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP clássico (BLUP) e pelo BLUP marcadores (BLUPM), para populações com tamanho efetivo 66,66 e os diferentes sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados (RAA, EIC e EICMI). Na Tabela 1 é apresentada a eficiência do BLUP e do BLUPM em relação à SI nos três sistemas de acasalamento estudados nos dois períodos.

Os valores fenotípicos médios das populações aumentaram, ao longo das gerações, em todos os métodos de seleção e sistemas de acasalamento, mostrando que em todas as situações houve ganho genético, entretanto, em magnitudes diferentes (Figura 1).

Observou-se que o BLUP foi superior ao BLUPM e este superior à SI no decorrer das 20 gerações, independentemente do sistema de acasalamento dos reprodutores selecionados (Figura 1). Verificou-se também que, nas gerações iniciais, da primeira até aproximadamente a quinta geração, os valores fenotípicos obtidos pelo BLUP e BLUPM são bastante semelhantes. Isso mostra que o BLUPM é bastante eficiente, já que superou a SI depois de 20 gerações de seleção e, nas gerações iniciais, apresentou comportamento semelhante ao BLUP, que, teoricamente, é o método de seleção mais eficiente utilizado em vários programas de melhoramento.

Foi considerado o BLUP utilizando matriz de parentesco com 0% de erro de pedigree, e isto não é verificado nas populações reais. Trabalhos como o de Geldermann et al. (1986), mostram níveis de erros de identificação de paternidade de 4 a 23%, e Ron et al. (1996) citam que erros de paternidade podem atingir até 20% dos registros de animais em vários países. Os erros de pedigree reduzem o ganho genético esperado pela seleção baseada nos valores genéticos preditos pelo BLUP, principalmente em características de baixa herdabilidade, nas quais a informação correta de parentesco é de grande importância. Isso pode ser verificado nos trabalhos de Long et al. (1990), que observaram reduções médias na expectativa do ganho genético de 12,4% para característica com herdabilidade 0,13, quando se utilizou o BLUP com 20% de erro de pedigree, e Carneiro (1998), que observou redução média em ganho genético por geração de 4,1, 5,3 e 8,9% para o BLUP com 10, 15 e 20% de erros de pedigree, respectivamente.

Até a quinta geração de seleção, pode-se observar a superioridade do BLUP e BLUPM (Tabela 1). Em re-

lação à SI, o BLUP apresentou superioridade em ganho genético de 21,14, 29,41 e 30,64% e o BLUPM, de 24,22, 20,63 e 27,75%, para os sistemas de acasalamento RAA, EIC e EICMI, respectivamente.

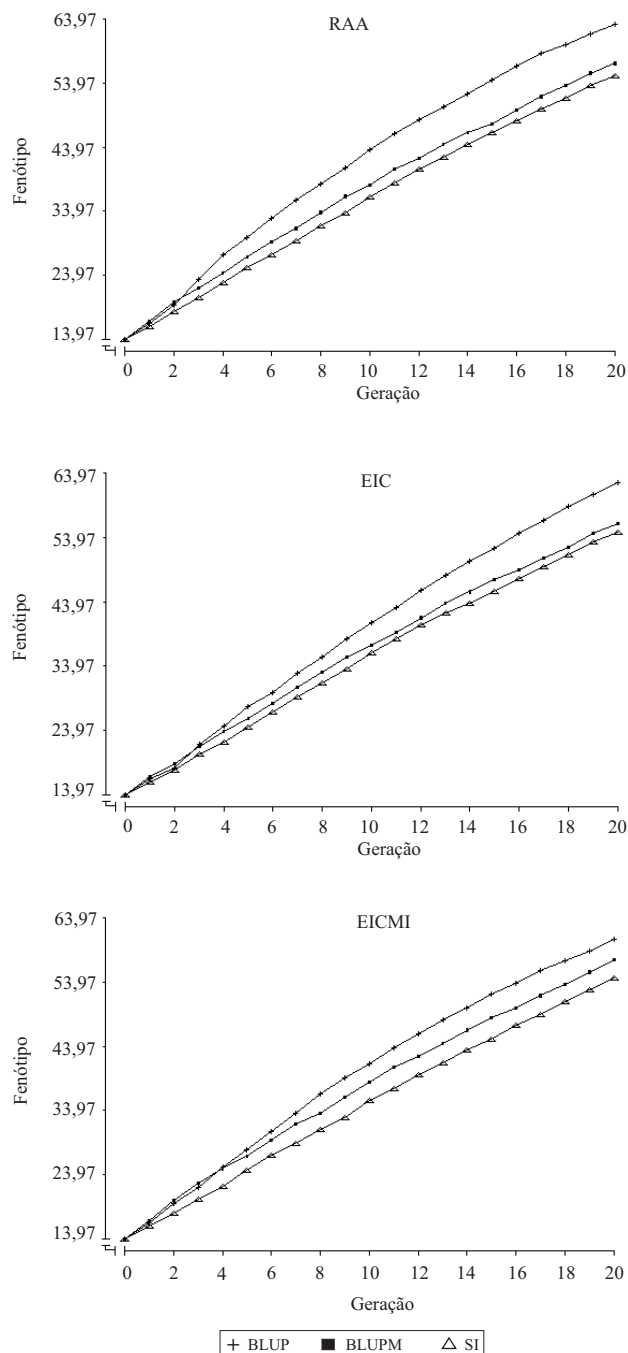


Figura 1. Valores fenotípicos médios observados para reprodutores acasalados ao acaso (RAA), exclusão de irmãos completos (EIC) e exclusão de irmãos completos e meio-irmãos (EICMI), utilizando BLUP clássico, BLUP marcadores (BLUPM) e seleção individual (SI).

Este comportamento bastante semelhante do BLUP e BLUPM em promover ganhos genéticos superiores, até a quinta geração, não foi observado até a vigésima geração, na qual o BLUPM apresentou eficiência bem menor (Tabela 1). Provavelmente o BLUPM tenha promovido maior fixação de alelos, tanto favoráveis quanto desfavoráveis, induzido maior endogamia e redução no limite da seleção. Entretanto, deve-se salientar que, nas gerações iniciais de seleção, os marcadores fixaram, perdendo sua utilidade, visto que se trata de característica de baixa herdabilidade (0,10) e o peso dado às informações de parentesco é muito grande. Uma alternativa seria, depois das gerações iniciais, utilizar novos marcadores para que se possa manter os ganhos por seleção próximo do BLUP.

Redução de eficiência depois de várias gerações de seleção tem sido característica das técnicas que utilizam marcadores moleculares, seja na seleção assistida por marcadores (MAS) ou como neste estudo, no qual os métodos baseados em marcadores são eficientes apenas por poucas gerações. Euclides (1996) relatou que, quando a característica estudada foi de baixa herdabilidade (0,10), a MAS conseguiu ser superior à seleção individual somente durante três a quatro gerações.

A população selecionada com base no BLUP e reprodutores selecionados acasalados aleatoriamente (RAA) proporcionaram valores fenotípicos médios ligeiramente superiores aos sistemas que faziam a exclusão do acasalamento entre irmãos (EIC e EICMI) (Figura 2).

Cunha (2001), trabalhando com dados simulados e seleção pelo BLUP, relatou que os tipos de acasalamentos com melhores resultados, quanto aos valores fenotípicos, foram os que excluíram acasalamentos entre irmãos. Entretanto, este autor

Tabela 1. Comparação do progresso genético depois de 5 e 20 gerações de seleção para reprodutores acasalados ao acaso (RAA), exclusão de irmãos completos (EIC) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI), utilizando-se BLUP (BLUP clássico), BLUPM (BLUP marcadores) e seleção individual (SI).

Sistema de acasalamento	Método de seleção		
	SI	BLUP	BLUPM
Cinco gerações			
RAA	100,00	121,14	124,22
EIC	100,00	129,41	120,63
EICMI	100,00	130,64	127,75
Vinte gerações			
RAA	100,00	121,00	103,81
EIC	100,00	119,89	105,85
EICMI	100,00	118,96	111,09

utilizou, como maior tamanho efetivo, 36,36 e foram avaliados os valores fenotípicos até a 50ª geração.

Na comparação dos resultados com os resultados de Cunha (2001), observa-se que os sistemas de acasalamento que excluem acasalamentos entre irmãos são mais efetivos em populações com pequenos tamanhos efetivos e seleção a longo prazo.

Com relação ao desempenho do BLUPM, nos diferentes sistemas de acasalamento, ao longo das 20 gerações, não foram observadas diferenças nos valores fenotípicos médios (Figura 2).

Há evidências de que os sistemas de acasalamento que excluem acasalamentos entre irmãos são mais efetivos no controle da taxa de endogamia, mas limi-

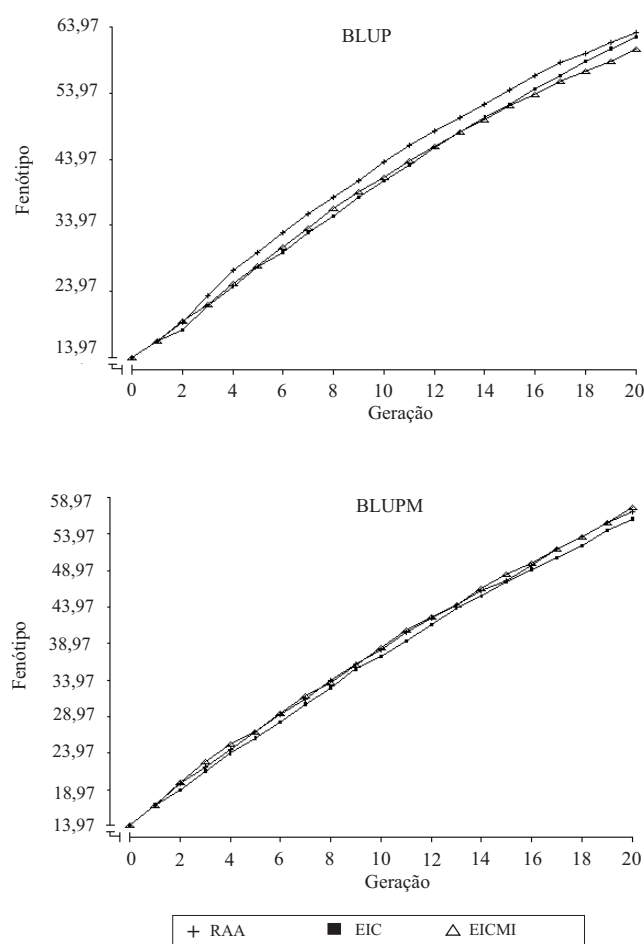


Figura 2. Valores fenotípicos médios observados utilizando-se BLUP (BLUP clássico) e os sistemas de acasalamento reprodutores acasalados ao acaso (RAA), exclusão de irmãos completos (EIC) e exclusão de irmãos completos e meios-irmãos (EICMI); e BLUPM (BLUP marcadores) e os sistemas de acasalamento RAA, EIC e EICMI.

tam a eficiência dos métodos que utilizam o BLUP (BLUP e BLUPM). Quinton et al. (1992) citaram que, nos mesmos níveis de endogamia, diferenças entre os métodos de seleção são reduzidas, podendo a SI superar o BLUP.

Conclusões

1. O BLUP marcadores é eficiente quando existem problemas na identificação correta do parentesco dos animais, principalmente nas gerações iniciais de seleção.

2. Para o tamanho efetivo avaliado, os diferentes sistemas de acasalamento dos reprodutores selecionados não têm influência nos ganhos genéticos para os métodos baseados no BLUP ao longo de 20 gerações de seleção.

Agradecimentos

À UESB, à UFV, ao Grupo Pagab (Programa de Avaliação Genética Animal da Bahia) e ao CNPq, pelo apoio financeiro.

Referências

- ALMEIDA, S.E.M.; MACHADO, M.S.N.; STEIGLEDER, C.S.; GAMA, C.L.; HUTZ, M.H.; HENKES, L.E.; MORAES, J.C.F.; WEIMER, T. de A. Genetic diversity in a Brazilian bovine herd based on four microsatellite loci. **Genetics and Molecular Biology**, v.23, p.345-350, 2000.
- 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.
- CARNEIRO, A.P.S.; TORRES, R. de A.; EUCLYDES, R.F.; SILVA, M. de A. e; LOPES, P.S.; CARNEIRO, P.L.S.; TORRES FILHO, R. de A. Efeito da conectividade de dados sobre a acurácia dos testes de progênie e performance. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.30, p.342-347, 2001.
- CARNEIRO, P.L.S. **Efeito de erros de pedigree na avaliação genética animal**. 1998. 79p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- CARNEIRO, P.L.S.; EUCLYDES, R.F.; SILVA, M.A.E.; LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; CARNEIRO, A.P.S.; TORRES FILHO, R.A. Efeito da seleção errônea de machos sobre ganhos genéticos, utilizando-se simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, p.264-268, 1999.
- CORRÊA, F.J. de C. **Avaliação de métodos de seleção tradicionais, assistida por marcadores moleculares e por genes candidatos, com dados simulados**. 2001. 54p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- CUNHA, E.E. **Avaliação de tipos de acasalamento em populações selecionadas, utilizando-se dados simulados**. 2001. 104p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.
- CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R. de 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.
- 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.
- EUCLYDES, R.F.; GUIMARÃES, S.E.F. Associação dos métodos tradicionais de seleção à seleção assistida por marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, v.21, p.89-96, 1997.
- FONSECA, R.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R. de A.; RIBEIRO JÚNIOR, J.I.; LOPES, P.S.; SILVA, M. de A. Efeito da violação de pressuposições da metodologia de modelos mistos na avaliação genética animal. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.53, p.122-129, 2001.
- GELDERMANN, H.; PIEPER, U.; WEBER, W.E. Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. **Journal of Animal Science**, v.63, p.1759-1768, 1986.
- GILBERT, D.A.; PACKER, C.; PUSEY, A.E.; STEPHENS, J.C.; O'BRIEN, S.J. Analytical DNA fingerprinting in Lions: parentage, genetic diversity, and kinship. **Journal of Heredity**, v.82, p.378-386, 1991.
- HENDERSON, C.R. Rapid method for computing the inverse of a relationship matrix. **Journal of Dairy Science**, v.58, p.1727-1730, 1975.
- HENDERSON, C.R. Selection index and expected genetic advance. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. (Ed.). **Statistical genetics and plant breeding**. Washington DC: National Academy of Genetic Advance - National Research Council, 1963. p.141-163.
- 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.
- KEELE, J.W.; JOHNSON, R.K.; YOUNG, L.D.; SOCHA, T.E. Comparison of methods of predicting breeding values of swine. **Journal of Animal Science**, v.66, p.3040-3048, 1988.
- KUHLERS, D.L.; KENNEDY, B.W. Effect of culling on selection response using phenotypic selection or best linear unbiased prediction of breeding values in small, closed herds of swine. **Journal of Animal Science**, v.70, p.2338-2348, 1992.
- KUHNLEIN, U.; DAWE, Y.; ZADWORNÝ, D.; GAVORA, J.S. DNA fingerprinting: a tool for determining genetic distances between strains of poultry. **Theoretical and Applied Genetics**, v.77, p.669-672, 1989.
- LONG, T.E.; JOHNSON, R.K.; KEELE, J.W. Effects of errors in pedigree on three methods of estimating breeding value for litter size, backfat and average daily gain in swine. **Journal of Animal Science**, v.68, p.4069-4078, 1990.
- MABRY, J.W.; SEE, M.T. Selection with the animal model versus selection within contemporary groups for swine. **Journal of Dairy Science**, v.73, p.2657-2665, 1990.
- MANNEN, H.; TSUJI, S.; MUKAI, F.; GOTO, N.; OHTAGAKI, S. Genetic similarity using DNA fingerprinting in cattle to determine relationship coefficient. **Journal of Heredity**, v.84, p.166-169, 1993.

- 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.; SCHAEFFER, 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.
- RON, M.; BLANC, Y.; BAND, M.; EZRA, E.; WELLER, J.I. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **Journal of Dairy Science**, v.79, p.676-681, 1996.
- SORENSEN, D.A. Effect of selection index versus mixed model methods of prediction of breeding value on response to selection in a simulated pig population. **Livestock Production Science**, v.20, p.135-148, 1988.
- 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.
- VIERLING, R.A.; XIANG, Z.; JOSHI, C.P.; GILBERT, M.L.; NGUYEN, H.T. Genetic diversity among elite sorghum lines revealed by restriction fragment length polymorphisms and random amplified polymorphic DNAs. **Theoretical and Applied Genetics**, v.87, p.816-820, 1994.
- YANG, L.; ZHAO, S.H.; LI, K.; PENG, Z.Z.; MONTGOMERY, G.W. Determination of genetic relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. **Animal Genetics**, v.30, p.452-455, 1999.

Recebido em 24 de março de 2005 e aprovado em 17 de agosto de 2005