



PROGENIE® – SISTEMA DE AUXÍLIO ÀS DECISÕES DE SELEÇÃO E ACASALAMENTO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO

MAURÍCIO BORGES^{1,2}, GRACIELE S. NASCIMENTO BORGES^{1,2}, HELVECIO GUIMARÃES RIBEIRO¹

¹ Progenie Tecnologia em Melhoramento – Rua Xavantes, 1056 / 902 Bairro Lídice Uberlândia – MG / www.progenie.com.br, faleconosco@progenie.com.br.

² Consulpec Consultoria em Produção Animal consulpec@netsite.com.br

RESUMO - O Sistema Progenie® é um software que permite a otimização das informações provenientes de programas de melhoramento genético visando a seleção e o acasalamento de bovinos sob diversas restrições, com enfoque na maximização do ganho genético e restrição da consangüinidade. Através da simulação de um problema de seleção e acasalamento de um rebanho, com várias restrições, foi possível demonstrar a eficiência do sistema na tomada de decisões importantes inerentes ao processo de seleção e acasalamento.

PALAVRAS-CHAVE: acasalamento, análise de pedigree, ganho genético, otimização, seleção, software

PROGENIE® – A DECISION SYSTEM AID TO SELECTION AND MATING FOR BREEDING PROGRAMS

ABSTRACT - Progenie®'s system is a software developed for optimizing animal breeding programs. This system aims at cattle mating and selection by means of several constraints, focussing on maximization of genetic gain and restricted inbreeding. The efficiency of the system as to crucial decisions concerning the mate selection process has been demonstrated through a simulated mating design.

KEYWORDS: mate selection, genealogical analysis, genetic gain, optimization, software

INTRODUÇÃO

O Sistema Progenie® utiliza a programação matemática mista para otimizar uma função objetivo, a qual geralmente é um índice de seleção, sujeito às mais diversas restrições, específicas de cada programa de melhoramento. Tais restrições incluem limites de consangüinidade média e máxima; direcionamento de linhagens; limites de diferentes touros por retiros ou fazendas; direcionamento de determinados touros para retiros, fazendas ou para determinado grupo de vacas; alocação de acasalamentos ao acaso para touros em teste de progênie; limite da contribuição genética de determinado antecendente; limite do número de produtos gerados por vaca e percentual de vacas a serem selecionadas; dentre outras. Alguns métodos de maximização de ganho genético com limite da taxa de consangüinidade foram descritos por Sonesson (2002), mas a maioria deles desconsidera outras restrições operacionais importantes dentro do programa de seleção. O objetivo desse trabalho é apresentar as funcionalidades do Sistema Progenie® no auxílio às tomadas de decisões em programas de melhoramento genético, as quais incluem em grande parte a seleção e o acasalamento dos bovinos, com maximização dos ganhos genéticos e restrição da consangüinidade, atendendo concomitantemente a várias restrições importantes.

MATERIAL E MÉTODOS

Para melhor entendimento do sistema e visualização das informações fornecidas, simulou-se a otimização da seleção e acasalamento de um rebanho da raça Nelore PO Padrão, composto de 772 fêmeas oriundas de 2 fazendas (Faz A = 289; Faz B = 483), e 40 touros conhecidos comercialmente e com disponibilidade de sêmen. O que se deseja é a maximização da função objetivo, definida como índice de seleção (IND), composto pelas seguintes características e respectivos pesos de seleção:

DEP materna peso aos 120 dias (10%) + DEP direta peso aos 120 dias (20%) + DEP peso aos 450 dias (40%) + DEP perímetro escrotal aos 450 dias (30%).

Sujeito às seguintes restrições: (1) Consangüinidade máxima permitida: 6,5%; (2) consangüinidade média: máximo 1,0%; (3) Número de produtos por vaca: 1 (no caso de doadoras de embriões pode-se definir valores maior que um); (4) Percentual de vacas selecionadas: 100%; (5)

Número de acasalamentos por touro: entre 0 e 90; (6) Diferentes touros por fazenda: máximo 12; (7) mínimo de acasalamentos por touro por fazenda: 20; (8) contribuição genética máxima de antecedente: Ludy de Garça máx 8,5%; (9) acasalamento dentro de linhagens: vacas com contribuição de touro 1646 MN entre 12,5% e 25% devem acasalar com touros com pelo menos 12,5% de touro 1646 MN, e touros com 6,25% ou mais de Polonês usar apenas em vacas com pelo menos 12,5% de Polonês; (10) valor genético médio mínimo em característica que não faz parte do IND: Mérito Genético Total (MGT) mínimo 0,8; (11) touros de teste de progênie: Ranger, Ético e Quadril, usar em 20 vacas por fazenda (40 vacas / touro); (12) restrição do uso de touro por fazenda: Paysandu não usar na fazenda A e acasalar com 40 a 90 vacas na fazenda B. A avaliação de cada restrição se deu pela análise de sensibilidade de cada uma das variáveis componentes do modelo de otimização. Para avaliar se a alocação dos touros de teste de progênie foi ao acaso, procedeu-se uma análise de variância dos dados para testar a hipótese de diferença de valor genético das vacas por touro de teste de progênie. Foram calculados ainda os coeficientes médios de parentesco entre touros, entre vacas e entre vacas e touros. Tais informações dão uma idéia da relação de parentesco existente entre os candidatos à seleção e pode ser usado para aumentar ou diminuir a frequência de uso de determinado touro caso seja necessário aumentar a variabilidade genética. Calculou-se também o percentual de informação do pedigree de cada animal até a 4ª geração, conforme descrito por Cassell et al. (2003).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na execução do problema, previamente à seleção dos acasalamentos, o coeficiente de parentesco entre os animais foi calculado, totalizando 628464 coeficientes. O parentesco médio entre as vacas e touros usados foi 1,93%, significando que se os touros fossem alocados aleatoriamente sem se preocupar com a endogamia, esta seria 1,93%; o coeficiente parentesco calculado entre os touros foi de 3,5% e entre as vacas em 2,28%, significando uma maior relação de parentesco entre os touros do que entre as vacas. O parentesco médio da população analisada foi, portanto, igual a 2,41%. O touro Ludy de Garça foi o touro de maior contribuição genética marginal nas fêmeas (11,2%); e o Fosfato não estava presente na genealogia dos touros, conforme mostrado na Figura 1.

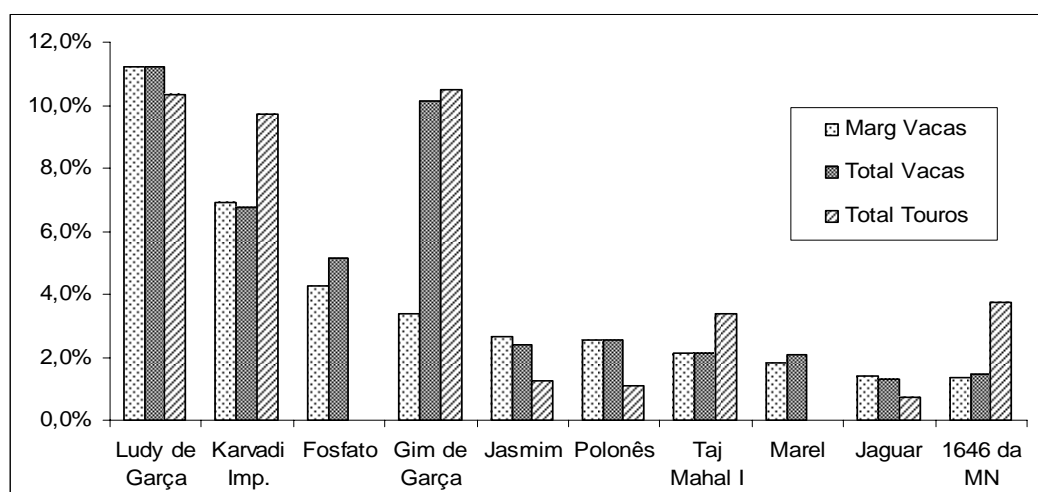


FIGURA 1. Contribuição genética dos principais antecedentes das vacas

Após a otimização, as 772 fêmeas foram acasaladas, e todas as restrições foram atendidas sem inviabilidades. O IND médio obtido foi igual a 12,74, o que poderia ser melhorado até 13,26, caso fossem excluídas as restrições 8, 9 e 12. A média da consangüinidade nos produtos atingiu 1,0%, resultando numa redução significativa em relação ao acasalamento ao acaso (1,93%). Em apenas 1% dos acasalamentos a consangüinidade foi de 6,25 % e 98% dos produtos tiveram consangüinidade até 4% (Figura 2).

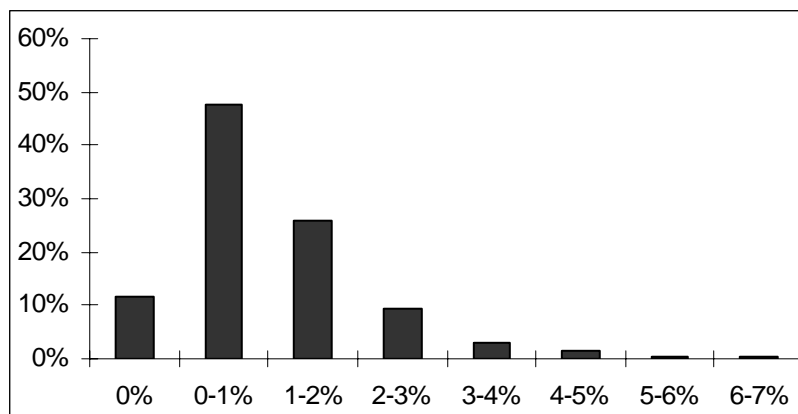


FIGURA 2. Distribuição da consangüinidade nos acasalamentos

Tal critério de maximização da resposta genética com concomitante restrição da taxa de consangüinidade é amplamente discutido por Sonesson (2002).

O touro Tecelão da SM, que tem uma contribuição de 25% do touro 1646 da MN foi acasalado com 20 vacas com contribuição do mesmo entre 12,5% e 25%, gerando uma consangüinidade média de 3,55%; e o touro Mito da Bonsucesso, com contribuição de 12,5% do touro Polonês, foi acasalado com 12 vacas com contribuição do mesmo entre 12,5% e 25%, gerando uma consangüinidade média de 2,25%, atendendo à restrição 9. Tal restrição permite direcionamento das linhagens de acordo com a oportunidade de mercado, realizando *linebreeding* ou *outbreeding*, como conceituado por Vogt et al. (1993), contudo com restrição da consangüinidade a níveis aceitáveis. O Ludy de Garça teve sua contribuição restrita a 8,5% (restrição 8) a um custo de diminuição do IND em 0,29 unidades por 1% de restrição da contribuição. Os touros de teste de progênie foram acasalados com o número de vacas determinado pela restrição 11, com consangüinidade média dos produtos igual a 0,64% e não houve diferença significativa ($Pr > F = 0,15$) no IND médio das vacas por touro de teste (4,18, 4,83 e 5,12). O touro Paysandu foi usado no seu limite mínimo na fazenda B e não foi usado na fazenda A, atendendo assim à restrição 12. O MGT médio alcançado foi de 1,286, valor acima daquele usado como mínimo na restrição 10 (0,8). Foram usados 11 touros na fazenda A e 10 touros na fazenda B, atendendo ao limite de no máximo 12 touros por fazenda (restrição 6). Dos 40 touros disponíveis para seleção foram usados apenas 13, sendo que o número de acasalamentos por touro variou de 40 a 90, dependendo do mérito genético de cada touro. Por exemplo, o touro Marisco foi usado no seu limite máximo (90 vacas) e a análise de sensibilidade demonstrou que para cada acasalamento adicional desse touro resultaria num aumento no IND em 0,001524 unidades.

CONCLUSÕES

O Sistema Progenie[®] demonstrou a importância de sistemas de otimização no auxílio às decisões simultâneas de seleção e acasalamento, na redução da consangüinidade, maximização de ganho genético, aumento de variabilidade genética e preservação de famílias importantes, além de facilitar a operacionalização da compra e distribuição do sêmen e melhorar a alocação dos touros de teste.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CASSEL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. **Journal of Dairy Science**, v.86, p.2967-2976, 2003.
- SONESSON, A. **Managing inbreeding in selection and genetic conservation schemes of livestock**. Wageningen University: Wageningen and Division of Animal Science, 2002. 175p. Thesis (Animal Breeding and Genetics Group) – Wageningen University, 2002.



V Simpósio da Sociedade Brasileira de Melhoramento Animal

VOGT, D. ; SWARTZ, H.A.; MASSEY J. **Inbreeding: its meaning, uses and effects on farm animals.** Agricultural Publication. University Extension. University of Missouri.
<http://muextension.missouri.edu/explore/agguides/ansci/q02911.htm>