



EFICIÊNCIA DE MÉTODOS DE SELEÇÃO TRADICIONAIS E ASSOCIADOS A MARCADORES MOLECULARES NA AVALIAÇÃO GENÉTICA ANIMAL

CARLOS HENRIQUE MENDES MALHADO¹, PAULO LUIZ SOUZA CARNEIRO¹, RICARDO FREDERICO EUCLYDES², ROBLEDO DE ALMEIDA TORRES², ANTONIO POLICARPO SOUZA CARNEIRO³, ELIZANGELA EMIDIO CUNHA⁴, ALINE SOUZA MEDRADO⁵, REGINEIDE XAVIER SANTOS⁵

¹ Professores do DCB, UESB, Jequié, BA, malhado@uesb.br, pcarneiro@uesb.br

² Professores do DZO, UFV, Viçosa, MG

³ Professor do DZO/UNIOESTE, Mal. C. Rondon, PR

⁴ Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento UFV, Viçosa, MG.

⁵ Estudantes de Ciências Biológicas, UESB, Jequié, BA

RESUMO - O objetivo deste trabalho foi comparar a seleção utilizando os valores genéticos preditos pelo BLUP Clássico (BLUP), BLUP Marcadores (BLUPM) e pela Seleção Individual (SI), através da simulação de dados, utilizando o programa GENESYS. A matriz de similaridade genética utilizada no BLUPM, foi obtida através da simulação de 100 marcadores moleculares do tipo microssatélite (SSR – *Simple Sequence Repeat*), por meio de um coeficiente de similaridade correspondente à distância euclidiana média para dados quantitativos. Para comparar os diferentes métodos de seleção utilizou-se populações com tamanho efetivo de 66,66 e média de 30 repetições, avaliando-se os valores fenotípicos médios. Observou-se que os ganhos obtidos ao longo das 20 gerações de seleção foi maior para o BLUP em relação ao BLUPM, e este foi superior à SI. Entretanto, quando se considerou o ganho obtido apenas nas cinco primeiras gerações, o BLUPM apresentou ganhos semelhantes ao BLUP e estes superiores à SI.

PALAVRAS CHAVES: BLUP, ganho genético, microssatélite, sistemas de acasalamento, simulação

EFFICIENCY TRADITIONAL SELECTION METHODS AND ASSOCIATION THE MOLECULAR MARKERS IN THE ANIMAL GENETIC EVALUATION

ABSTRACT - The objective of the present study 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, 100 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. However, similar genetic gains were obtained for BLUPM and BLUP when only the gain for the first five generations was considered, and these gains were higher than those obtained with IS.

KEYWORDS: BLUP, genetic gain, mating systems, microsatellite, simulation

INTRODUÇÃO

Ao longo dos anos, vários procedimentos foram desenvolvidos para prever o valor genético dos animais. Entretanto, aplicações desses aos dados coletados a campo podem conduzir a erros de avaliação quando as informações de pedigree são incorretas, e os procedimentos utilizados levam em consideração tais informações (Carneiro, 1998). É o caso da obtenção BLUP usando o modelo animal, que considera informações de diversos parentes para a predição do valor genético dos animais.

Nos arquivos de dados de animais, os erros de pedigree prejudicam as avaliações genéticas, ocasionando vieses nas estimativas dos valores genéticos. Além disto, em plantas, há grande dificuldade de se obter a matriz de parentesco, impedindo o uso do BLUP. Assim, recentemente, têm-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. O objetivo deste trabalho foi comparar a eficiência do BLUP, utilizando matriz de parentesco

obtida através das informações de pedigree, em relação ao BLUP utilizando matriz de similaridade calculada por meio de marcadores moleculares, e destes em relação à Seleção Individual.

MATERIAL E MÉTODOS

Para possibilitar o desenvolvimento deste trabalho, foi simulado um genoma, utilizando o programa GENESYS (Euclides, 1996), constituído de uma característica quantitativa com valor de herdabilidade igual a 0,10. O genoma simulado é descrito a seguir: 200 locos quantitativos polialélicos (8 alelos), cujas freqüências iniciais foram simuladas com base na distribuição uniforme e tiveram valor inicial médio de 0,50; estes locos foram distribuídos ao acaso em quinze 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 possuíram desvios de dominância nem interações entre si; as freqüências gênicas iniciais foram iguais em ambos os sexos; a distribuição matemática usada para a simulação das freqüências 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 (SSR - *Simple Sequence Repeat*).

A partir do genoma descrito anteriormente, foi simulada uma população-base de 1000 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, em cada uma foi aplicado um sistema de acasalamento entre os animais selecionados (acasalamento aleatórios - 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 visando reduzir os efeitos da oscilação genética que poderiam gerar confundimentos na comparação das metodologias de predição.

Para se obter a estimativa mais real da percentagem 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.

Neste estudo, a matriz de similaridade genética foi calculada, considerando todos os marcadores moleculares, no caso multialélicos, por intermédio de um coeficiente de similaridade correspondente à distância euclidiana média para dados quantitativos, da seguinte forma:

$$S_{PQ} = \frac{1}{\sqrt{p}} \left(\sum_{i=1}^p (x_i - x_j)^2 \right)^{1/2}, \text{ em que } S_{PQ} = \text{grau de similaridade entre os indivíduos P e Q; } p =$$

número de locos; $x_i - x_j$ = freqüência 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 no BLUP, como se fosse a matriz A^{-1} . O BLUP modificado, usando a matriz de similaridade genética, foi chamado de BLUPM.

Para comparar os métodos foram utilizados valores de eficiência do BLUP e do BLUPM, em relação a SI para dois períodos, até a 5ª geração e até a 20ª geração.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nas Tabelas 1 e 2 é apresentado a eficiência do BLUP e do BLUPM em relação à SI nos três sistemas de acasalamento estudados para os dois períodos, respectivamente.

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. Verificou-se também que, nas gerações iniciais, da 1ª até aproximadamente a 5ª 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 após 20 gerações de seleção e nas gerações iniciais

apresentou comportamento semelhante ao BLUP, que é a metodologia de avaliação genética mais utilizada nos programas de melhoramento genético.

Na Tabela 1, pode-se observar a grande superioridade do BLUP e BLUPM em relação à SI até a 5ª geração de seleção. Em relação 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.

TABELA 1 - Comparação do progresso genético após 5 gerações de seleção

Sistema acasalamento	Método de Seleção		
	SI	BLUP	BLUPM
RAA	100,00	121,14	124,22
EIC	100,00	129,41	120,63
EICMI	100,00	130,64	127,75

SI= Seleção individual, BLUP = BLUP clássico, BLUPM = BLUP marcadores; RAA = acasalamento aleatórios, EIC = acasalamento com exclusão de irmãos completos, EICMI = acasalamento com exclusão de irmãos completos e meio-irmãos

TABELA 2 - Comparação do progresso genético após 20 gerações de seleção

Sistema acasalamento	Método de Seleção		
	SI	BLUP	BLUPM
RAA	100,00	121,00	103,81
EIC	100,00	119,89	105,85
EICMI	100,00	118,96	111,09

SI= Seleção individual, BLUP = BLUP clássico, BLUPM = BLUP marcadores; RAA = acasalamento aleatórios, EIC = acasalamento com exclusão de irmãos completos, EICMI = acasalamento com exclusão de irmãos completos e meio-irmãos

Este comportamento bastante semelhante do BLUP e BLUPM em promover ganhos genéticos superiores, até a 5ª geração, não foi observado até a 20ª geração, na qual o BLUPM apresentou menor eficiência (Tabela 2). 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, as marcas já 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, após as gerações iniciais, utilizar novos marcadores para que se possam manter os ganhos por seleção próximos do BLUP.

Há evidências que os sistemas de acasalamento que excluem acasalamentos entre irmãos são mais efetivos no controle da taxa de endogamia, mas limitam a eficiência dos métodos que utilizam o BLUP (BLUP e BLUPM). Quinton et al. (1992) citaram que, para os mesmos níveis de endogamia, diferenças entre os métodos de seleção são reduzidas, podendo a SI superar o BLUP.

CONCLUSÕES

O BLUP Marcadores mostrou-se eficiente, tendo grande potencial de aplicação quando existem problemas na identificação correta do parentesco dos animais, principalmente nas gerações iniciais de seleção.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- CARNEIRO, P. L. S. **Efeito de erros de pedigree na avaliação genética animal**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1998. 79 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1998.
- 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. 149 p. Tese (Doutorado em zootecnia) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- QUINTON, M.; SMITH, C.; GODDARD, M. E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal Animal Science**, Champaign, v. 70, p.1060-1067, 1992.