

Efeito de diferentes tamanhos populacionais e sistemas de acasalamento na endogamia média e no ganho genético de populações simuladas

Thaise Pinto de Melo¹, Roberto Carneiro², Lucia Galvão de Albuquerque³

¹Aluna de mestrado em Genética e Melhoramento Animal, FCAV-Unesp/Jaboticabal. Bolsista da CAPES. e-mail: thaise_p.melo@hotmail.com

²Pesquisador do Departamento de Zootecnia, FCAV-Unesp/Jaboticabal. e-mail: rcar@fcav.unesp.br

³Professora Titular do Departamento de Zootecnia, FCAV-Unesp/Jaboticabal. Pesquisadora do CNPq e do INCT-CA. e-mail: lgalb@fcav.unesp.br

Resumo: Os sistemas de acasalamento e o tamanho efetivo da população são alguns dos fatores que afetam as taxas de endogamia e o progresso genético de uma população, assim, objetivou-se com este estudo avaliar o efeito de diferentes tamanhos efetivos de população e estratégias de acasalamento sobre a endogamia média e o progresso genético, considerando-se características de baixa ou média herdabilidade em populações simuladas. Os sistemas de acasalamento aleatório (RND) e dirigido do tipo associativo positivo, com base no valor genético verdadeiro (P_VGV), no valor genético estimado (P_VGE) e no fenótipo (P_Phen), dois tamanhos efetivos de população (popA=48,54; popB=186,67), e dois valores de herdabilidade (0,10 e 0,30) foram simulados. As populações com acasalamento P_VGV e P_VGE apresentaram níveis de endogamia bem mais elevados que aquelas com acasalamento P_Phen e RND. Levando em consideração o progresso genético e o nível de endogamia em conjunto, as estratégias de acasalamento P_Phen e RND parecem ser mais adequadas para populações com tamanho efetivo restrito.

Palavras-chave: acasalamento associativo positivo, consanguinidade, herdabilidade, tamanho efetivo.

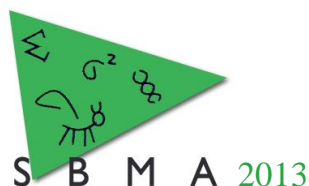
Effect of different population sizes and mating systems on average inbreeding and genetic gain in simulated populations

Abstract: Mating systems and effective population size are some factors that affect the rates of inbreeding and genetic gain of a population. The aim of this study was to evaluate the effect of different effective population sizes and mating strategies on average inbreeding and genetic gain, for traits with low or moderate heritability using simulated populations. The mating systems random (RND) and assortative mating based on the true breeding value (P_TBV), estimated breeding value (P_EBV) and phenotype (P_Phen), two effective population sizes (popA=48.54; popB=186.67), and two heritabilities (0.10 and 0.30) were simulated. The populations under P_TBV and P_EBV mating presented higher inbreeding than those under P_Phen and RND mating. Considering genetic progress and inbreeding simultaneously, P_Phen and RND seem to be more adequate mating strategies for populations with constrained effective size.

Keywords: effective population size, heritability, inbreeding, positive assortative mating.

Introdução

Um grande desafio para os melhoristas é delinear estratégias de acasalamento que promovam ganhos genéticos superiores e que produzam baixas taxas de endogamia. Além do sistema de acasalamento, o tamanho efetivo da população afeta as taxas de endogamia e o ganho genético de uma população. Acasalamentos dirigidos podem combinar machos e fêmeas semelhantes (associativo positivo) quanto ao seu fenótipo, genótipo ou valor genético estimado (VGE), ou ainda, combinar machos e fêmeas dessemelhantes (associativo negativo). O acasalamento associativo positivo é eficiente em promover animais extremos e, com isso, permitir a obtenção de maior progresso genético, apesar de comumente elevar as taxas de endogamia. Uma alternativa que vem sendo apresentada (OLIVEIRA et al., 1999) para manter os níveis de endogamia baixos sem afetar o progresso genético é a restrição dos acasalamentos endogâmicos. O tamanho efetivo da população também deve ser considerado, pois populações com número restrito de reprodutores tendem a apresentar maiores taxas de endogamia, e isto pode ser potencializado pelo tipo de acasalamento adotado e a herdabilidade da característica trabalhada.



X Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal Uberaba, MG – 18 a 23 de agosto de 2013

O objetivo com este estudo foi avaliar o efeito de diferentes tamanhos efetivos de população, e sistemas de acasalamento sobre a endogamia e o progresso genético em populações simuladas, considerando-se características de baixa ou média herdabilidade.

Material e Métodos

Foram utilizados dados simulados no programa QMsim v.1.0 (SARGOLZAEI & SCHENKEL, 2009). O genoma foi simulado com 100 cM de comprimento, 11.600 marcadores bialélicos e 5.800 QTLs, distribuídos aleatoriamente em 29 pares de cromossomos autossômicos. Foram simulados os sistemas de acasalamento aleatório (RND) e dirigido do tipo associativo positivo com base no valor genético estimado (P_VGE), valor genético verdadeiro (P_VGV) e fenótipo (P_Phen), e duas características com herdabilidades 0,10 e 0,30 e variâncias fenotípicas de 1.

Foi estruturada uma população histórica, com 100 gerações discretas, constituída de 5.000 indivíduos, dos quais 2.500 eram machos, obtidos aleatoriamente. Partindo-se da última geração desta população foram selecionados e acasalados ao acaso 50 machos e 500 fêmeas, as quais geraram o valor fixo de quatro progênies por fêmea por geração, ao longo de 10 gerações, totalizando 2.000 indivíduos (1.000 machos) por geração, os quais formaram a população base, com sobreposição de gerações. Duas populações de seleção, obtidas a partir da última geração da população base, com tamanhos efetivos de 48,54 (popA) e 186,67 indivíduos (popB), foram geradas durante 30 gerações sobrepostas, e avaliadas para as duas características de diferentes herdabilidades. A popA, com 13 machos e 175 fêmeas, e a popB, com 50 machos e 700 fêmeas foram selecionadas pelos maiores VGEs. Para calcular o tamanho efetivo dessas populações utilizou-se a fórmula: $1/N_e = 1/(4*N_m) + 1/(4*N_f)$, em que N_e = tamanho efetivo da população, N_m = número de machos e N_f = número de fêmeas. Em ambas as populações de seleção, os indivíduos foram acasalados sob os quatro diferentes sistemas de acasalamento, e avaliados sob as características de baixa ou média herdabilidade. Cada fêmea gerou quatro descendentes, totalizando 700 progênies na popA e 2.800 progênies na popB por geração, com proporção entre os sexos de 50%. A taxa de reposição de machos e fêmeas em reprodução nas populações de seleção foi de 60 e 30% respectivamente, sendo excluídos, a cada geração, animais que apresentaram os piores fenótipos.

O valor genético estimado dos indivíduos foi calculado pelo método BLUP segundo a equação: $[Z'Z + A^{-1} * \sigma_e^2 / \sigma_a^2] * [\hat{a}] = [Z'Y]$, onde Z é a matriz de incidência relacionando os registros fenotípicos e os efeitos genéticos aditivos (\hat{a}), A^{-1} é inversa da matriz de parentesco, σ_e^2 é a variância residual, σ_a^2 é a variância genética aditiva e Y é o vetor dos registros fenotípicos.

Resultados e Discussão

Conforme ilustrado na Figura 1, maior herdabilidade e menor tamanho efetivo da população resultaram em maiores níveis de endogamia. Apesar de não ser possível acasalar os animais com base nos valores genéticos verdadeiros em populações reais (não simuladas), os resultados apresentados na Figura 1A evidenciam que elevados níveis de endogamia (> 0,10) seriam obtidos em poucas gerações caso os VGEs dos animais em reprodução apresentassem alta acurácia e fosse realizado acasalamento associativo positivo. No caso mais extremo (popA_0,3), o nível médio de endogamia de 10% foi atingido em apenas 5 gerações (Figura 1A). Para o mesmo cenário (popA_0,3), o acasalamento aleatório gerou nível de endogamia maior que 0,10 apenas a partir da 15ª geração (Figura 1D). Os níveis de endogamia apresentados pelas populações com acasalamento P_VGE (Figura 1B) não foram tão pronunciados quanto àqueles observados com o acasalamento P_VGV, conforme esperado de acordo com as herdabilidades consideradas (0,10 e 0,30), porém foram bastante superiores aos níveis de endogamia observados nas populações com acasalamento P_Phen (Figura 1C) e RND (Figura 1D).

O tamanho efetivo reduzido da popA em comparação com a popB (Figura 2) não acarretou em menor progresso genético, com exceção das gerações avançadas para a característica de maior herdabilidade, sobretudo para os acasalamentos P_VGV e P_VGE. Os ganhos genéticos obtidos nas populações com acasalamento P_Phen (Figura 2C) e RND (Figura 2D) foram semelhantes entre si e um pouco inferiores quando comparados com os ganhos das populações com acasalamento P_VGE (Figura 2B), nas gerações mais avançadas. O acasalamento associativo positivo gera animais extremos, sendo que os extremos superiores tendem a gerar progênie de mérito genético superior e, conseqüentemente, maior ganho genético. Ainda assim, diante das possíveis conseqüências negativas decorrentes de elevada

endogamia (Falconer e Mackay, 1996), os resultados indicam que os acasalamentos P_Phen e RND constituem-se em boas estratégias, para populações com tamanho efetivo restrito, quando o progresso genético e o nível de endogamia são considerados em conjunto.

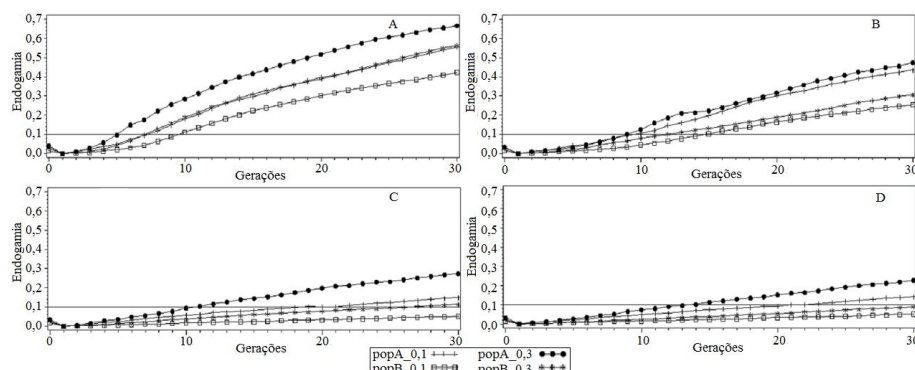


Figura 1. Endogamia das populações A ($N_e=48,54$) e B ($N_e=186,67$), avaliando características de $h^2=0,1$ (popA_0,1 e popB_0,1) e $h^2=0,3$ (popA_0,3 e popB_0,3) para os acasalamentos associativos positivos com base nos valores genéticos verdadeiros (A), valores genéticos estimados (B), fenótipos (C) e aleatório (D), por 30 gerações.

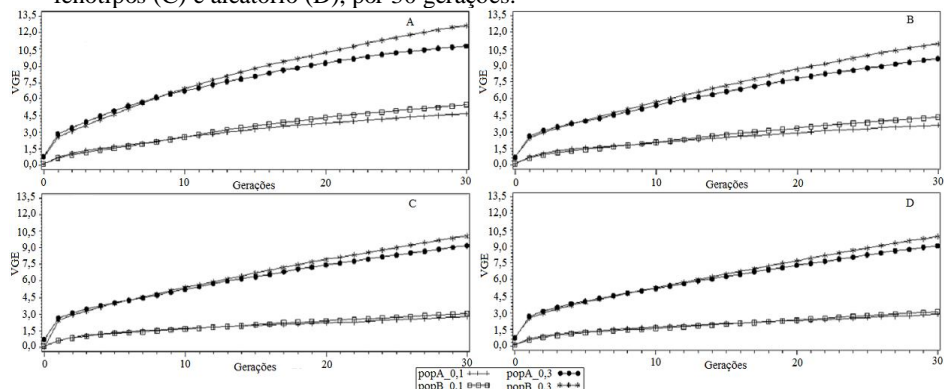


Figura 2. Média dos valores genéticos estimados (VGE) das populações A ($N_e=48,54$) e B ($N_e=186,67$), avaliando características de $h^2=0,1$ (popA_0,1 e popB_0,1) e $h^2=0,3$ (popA_0,3 e popB_0,3) para os acasalamentos associativos positivos com base nos valores genéticos verdadeiros (A), valores genéticos estimados (B), fenótipos (C) e aleatório (D), por 30 gerações.

Conclusões

Acasalamento associativo positivo com base nos valores genéticos preditos deve ser evitado em populações de reduzido tamanho efetivo, sobretudo para situações de alta acurácia de predição dos valores genéticos dos animais em reprodução, caso contrário taxas elevadas de endogamia serão obtidas em poucas gerações.

Agradecimentos

À Capes pela concessão de bolsa à primeira autora.

Literatura citada

- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. New York: Longman Scientific and Technical, 1996, 464p.
OLIVEIRA, J.A.; BASTOS, J.F.P.; TONHATI, H. Endogamia em um rebanho da raça Guzerá. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.28, n.4, p.721-728, 1999.
SARGOLZAEI, M.; SCHENKEL, F.S. **QMSim: User's Guide** [S.I.: s.n.], 2009, p.74.