

UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA MARIA
CENTRO DE CIÊNCIAS RURAIS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ZOOTECNIA

Jader Silva Lopes

**AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE
SIMULAÇÃO DE DADOS**

Santa Maria, RS
2017

Jader Silva Lopes

**AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE
DADOS**

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração em Produção Animal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do título de **Doutor em Zootecnia**.

Orientador: Prof. Paulo Roberto Nogara Rorato

Santa Maria, RS
2017

Ficha catalográfica elaborada através do Programa de Geração Automática da Biblioteca Central da UFSM, com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

Lopes, Jader Silva

Avaliação de estratégias de seleção em programa de melhoramento genético de suínos por meio de simulação de dados / Jader Silva Lopes.- 2017.

64 p.; 30 cm

Orientador: Paulo Roberto Rorato

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Santa Maria, Centro de Ciências Rurais, Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, RS, 2017

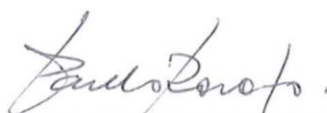
1. Endogamia 2. Estratégias de seleção 3. Simulação de dados 4. Suíno I. Rorato, Paulo Roberto II. Título.

Jader Silva Lopes

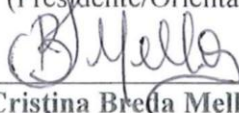
**AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE
DADOS**

Tese apresentada ao Curso de Doutorado do Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Área de Concentração em Produção Animal, da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM, RS), como requisito parcial para obtenção do título de **Doutor em Zootecnia**.

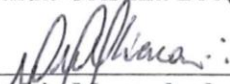
Aprovado em 21 de fevereiro de 2017:



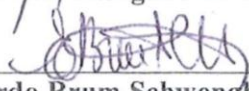
Paulo Roberto Nogara Rorato, Dr. (UFSM)
(Presidente/Orientador)



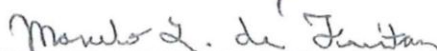
Fernanda Cristina Breda Mello, Dra. (UFSM)



Maurício Morgado de Oliveira, Dr. (UFSM)



Eduardo Brum Schwengber, Dr. (UNIPAMPA)



Marcelo Silva de Freitas, Dr. (Cobb Vantress S.A.)

Santa Maria, RS
2017

DEDICATÓRIA

À minha família, em especial à minha esposa Ledileili, pelo companheirismo e apoio, à minha filha Antônia, fonte de inspiração, e aos meus pais Joaquim e Eni, por terem me dado o genótipo e contribuído com o ambiente para a formação do cidadão Jader Silva Lopes.

AGRADECIMENTOS

À Deus que possibilitou que me sentisse um afortunado por ter todas estas pessoas em minha vida;

À minha esposa Ledileili, que, com disposição, me fez companhia, motivando e entusiasmando;

À minha filha Antônia, pela inspiração em ser cada dia uma pessoa melhor;

Aos meus pais Joaquim e Eni, que, com carinho e atenção, me deram motivação e sustentação para alcançar mais este objetivo, minha eterna gratidão;

À minha irmã Gislene, meu cunhado Claudionei e minhas sobrinhas Taiane e Mônica, por terem dividido parte de suas vidas comigo;

Aos familiares, em especial ao tio Inácio e à tia Carmem Rosa, que, com gestos grandiosos, demonstraram confiança e me fizeram acreditar que era possível, marcando por toda vida;

Ao grande amigo Marcelo Freitas, pelos ensinamentos, apoio e dedicação na construção do simulador desta tese, e à sua esposa Andresa, pela amizade e compreensão;

Ao Prof. Dr. Paulo Roberto Nogara Rorato, pela oportunidade do aprendizado, dedicação e empenho nos ensinamentos, além da amizade;

À empresa BRF S/A, em especial ao Gerente Rodrigo José de Almeida Torres, por terem confiado e permitido a realização do curso de Doutorado, além da cedência do banco de dados para este estudo;

Aos colegas da Gerência de Genética e Inovação Agropecuária da BRF S/A, em especial à equipe do Programa de Melhoramento Genético de Suínos, e do Laboratório de Melhoramento Animal da UFSM, pela amizade, companheirismo e ajuda sempre pronta no desenvolvimento dos trabalhos;

À UFSM e a todos os professores que, de alguma forma, contribuíram para a minha formação;

Aos demais colegas e amigos, pelos momentos de descontração e companheirismo. Saibam que o menor gesto sempre será lembrado como de grande valia.

*“Por falta de um cravo, perdeu-se a ferradura;
Por falta da ferradura, perdeu-se o cavalo;
Por falta do cavalo, perdeu-se o soldado;
Por falta do soldado, perdeu-se a batalha;
Pela derrota em uma batalha, perdeu-se o reino,
E tudo pela falta de um cravo na ferradura.”*

(George Herbert)

RESUMO

AVALIAÇÃO DE ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE DADOS

AUTOR: Jader Silva Lopes

ORIENTADOR: Paulo Roberto Nogara Rorato

O objetivo deste estudo foi avaliar, através de simulação de dados, diferentes estratégias de seleção adotadas em programa de melhoramento genético de suínos e seus impactos nos níveis de consanguinidade e ganhos genéticos. Além de, especificamente, estimar o impacto de restrições no número máximo de filhos e filhas por macho ou fêmea e o impacto de taxas e perdas produtivas nos níveis de consanguinidade do plantel e no ganho genético. Os dados das populações reais A, composta por suínos da raça Pietrain, e B, por suínos da raça Landrace, utilizados neste estudo, foram provenientes de duas linhagens localizadas em granjas no oeste do estado de Santa Catarina. Para gerar as populações simuladas foi desenvolvido um simulador em linguagem Fortran no qual utilizou-se as informações das populações reais: dois arquivos de dados iniciais, um contendo o pedigree dos últimos 10 anos, sendo 21.906 animais na população A e 251.343 animais na população B, e outro contendo os valores genéticos para idade, espessura de toucinho e conversão alimentar, todos ajustados para 110 kg de peso vivo, para ambas as populações, além de profundidade do músculo *longissimus dorsi* ajustada para 110 kg de peso vivo – somente para a população A e número de leitões vivos ao 5º dia de vida, por parto, somente para a população B, dos animais selecionados em 2014 (Geração 0), além das (co)variâncias dos valores genéticos, as taxas e médias produtivas e reprodutivas, restrições de número de coberturas e número de animais selecionados por geração. Em cada artigo foram simulados três cenários: no artigo 1 os cenários variaram nas restrições no número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados, para machos e fêmeas, já no artigo 2 as variações nos cenários foram na taxa de mortalidade na lactação e taxa de parto. Foram simuladas dez gerações, com 30 repetições cada geração e cenário. Os resultados da simulação de dados em programa de melhoramento genético de suínos permitem concluir que: há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado independente da estratégia utilizada; os incrementos de consanguinidade são maiores em populações de tamanho efetivo menor; restrições no número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados são eficientes para reduzir os incrementos de consanguinidade, sendo que a restrição de, no máximo, dois irmãos-completos e três meios-irmãos, para machos, e três irmãs-completas, para fêmeas, por ter obtido os maiores ganhos genéticos, é indicado como estratégia de seleção a ser adotada nestas populações; há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado com o aumento das perdas produtivas e reprodutivas; as perdas produtivas e reprodutivas reduzem as variâncias dos valores genéticos e, principalmente, as intensidades de seleção, reduzindo os ganhos genéticos; ações que maximizem as taxas de parição são preponderantes àquelas que minimizem as taxas de mortalidade na lactação, tendo em vista que a redução na taxa de parição simulada, resultou em maiores perdas nos ganhos genéticos.

Palavras-chave: Endogamia. Ganho Genético. Irmão-Completo. Meio-Irmão. Taxa de Mortalidade. Taxa de Parição.

ABSTRACT

EVALUATION OF STRATEGIES OF SELECTION IN BREEDING PROGRAM OF SWINE THROUGH DATA SIMULATION

AUTHOR: Jader Silva Lopes
ADVISOR: Paulo Roberto Nogara Rorato

The objective of this study was to evaluate, through simulation of data, different selection strategies adopted in a breeding program of swine and their impacts on levels of inbreeding and genetic gains. In addition to specifically estimating the impact of restrictions on the maximum number of sons and daughters by male or female and the impact of rates and productive losses on levels of inbreeding and genetic gain. Data from real populations A, composed of Pietrain pigs, and B, by Landrace pigs, used in this study, came from two genetic lines located on farms in the west of the Santa Catarina state. To generate the simulated populations, a Fortran language simulator was used in which the information of the real populations was used: two main input files, one containing the pedigree of the last 10 years, with 21,906 animals in population A and 251,343 animals in population B, And another one containing the estimated breeding values for age, backfat and feed conversion, all adjusted to 110 kg of live weight, for both populations, as well as depth of the *longissimus dorsi* muscle adjusted for 110 kg of live weight - only for population A, and number of live piglets at the 5th day of life, per farrowing, only for population B, of the selected animals in 2014 (Generation 0). In addition to the (co)variances of estimated breeding values, rates and productive and reproductive averages, number of mating and number of animals selected per generation. In each article, three scenarios were simulated: in article 1 the scenarios varied in the restrictions on the number of full siblings and half-siblings selected, for males and females, already in article 2 the variations in the scenarios were in the mortality rate in the lactation and farrowing rate. Ten generations were simulated, with 30 repetitions each generation and scenario. The results of the simulation of data in a breeding program of swine allow to conclude that: there is an increase in the inbreeding levels in a closed nucleus independent of the selection strategy used; the rate of inbreeding are larger in populations of smaller effective size; restrictions on the number of full siblings and half-siblings selected are efficient to reduce the rates of inbreeding, with the restriction of a maximum of two full-siblings and three half-siblings for males and three full-siblings for females, for having obtained the highest genetic gains, is indicated as a selection strategy to be adopted in these populations; there is an increase in the levels of consanguinity in a closed nucleus with an increase in productive and reproductive losses; the productive and reproductive losses reduce the variances of the estimated breeding values and, mainly, the intensities of selection, reducing the genetic gains; actions that maximize farrowing rates are preponderant to those that minimize mortality rates in the lactation, since the reduction in simulated farrowing rate has resulted in greater losses in genetic gains.

Keywords: Farrowing Rate. Full-Sib. Genetic Gain. Half-Sib. Inbreeding. Mortality Rate.

LISTA DE QUADROS

ARTIGO I

Quadro 1 – Número máximo de irmãos completos e meios-irmãos permitidos à seleção de acordo com o sexo e população para cada cenário simulado.....28

ARTIGO II

Quadro 1 – Taxas de parição e de mortalidade na lactação, em percentual, de acordo com a população para cada cenário simulado.....45

LISTA DE GRÁFICOS

ARTIGO I

- Gráfico 1 – Coeficiente de endogamia da população A, a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados.....30
- Gráfico 2 – Coeficiente de endogamia da população B, a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados.....30

LISTA DE TABELAS

ARTIGO I

Tabela 1 – Incremento de endogamia a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B.....	31
Tabela 2 – Ganho genético para conversão alimentar ajustada para 110 Kg de peso vivo a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B.....	34
Tabela 3 – Ganho genético para número de leitões vivos ao 5º dia de idade, por parto, a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para a população B.....	34

ARTIGO II

Tabela 1 – Nível de endogamia a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B.....	48
Tabela 2 – Incremento de endogamia a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B.....	48
Tabela 3 – Ganho genético para conversão alimentar ajustada para 110 Kg de peso vivo a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B.....	50

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO.....	14
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 Simulação de dados em programas de melhoramento genético	17
2.2 Consanguinidade em populações fechadas	18
2.3 Perdas reprodutivas em suínos	19
2.4 Mortalidade em suínos	20
ARTIGO I.....	22
ESTRATÉGIAS PARA CONTROLE DA ENDOGAMIA EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE DADOS	22
Introdução.....	24
Material e Métodos.....	25
Resultados e Discussão.....	29
Conclusões.....	35
Agradecimentos	35
Referências	35
ARTIGO II	39
IMPACTO DAS TAXAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE DADOS	39
Introdução.....	41
Material e Métodos.....	43
Resultados e Discussão.....	46
Conclusões.....	51
Agradecimentos	51
Referências	51
3 CONCLUSÕES	56
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	57
ANEXOS	64

1 INTRODUÇÃO

A carne suína é a mais consumida do mundo, chegando a 111 milhões de toneladas em 2015, contra 88 milhões de toneladas da carne de frango, a segunda neste *ranking* (ABPA, 2016). O Brasil, nas últimas décadas, tem ocupado um espaço importante no comércio mundial, sendo no caso da carne suína o quarto maior produtor mundial e o quarto maior exportador. A perspectiva para os próximos anos continua sendo de crescimento, com as quedas das barreiras sanitárias que ainda existem para a carne suína do Brasil, principalmente em mercados mais rentáveis como os da Europa e do Japão. O que contribuiu para este rápido avanço foi principalmente a organização da cadeia de produção de suínos do Brasil, na sua maioria estruturada em sistema de integração com agroindústrias e cooperativas. Além disso, houve um rápido avanço tecnológico, tendo a genética contribuído de maneira significativa para este avanço.

Atualmente as principais empresas de genética de suínos, que possuem atuação mundial, estão instaladas no Brasil, entretanto funcionando apenas como programas filiais, sendo que o desenvolvimento dos programas principais continua nos países de origem. É evidente a diferença de competitividade do material genético comercializado nacionalmente em relação ao comercializado no país sede das empresas de genética, devido ao *lag* genético e tecnológico entre os programas filiais e os programas de origem. Por isto, os programas nacionais de melhoramento genético de suínos passam a ter papel fundamental, no sentido de manter a competitividade da produção nacional, manter o País independente em termos de material genético e principalmente, continuar concorrendo e avançando no mercado mundial de carnes.

Para o País, a melhoria da eficiência dos programas nacionais representa fortalecimento e aumento de competitividade da cadeia de produção de suínos em 1 a 1,5%. Isto pode evitar que a cadeia suinícola brasileira chegue à mesma situação que a cadeia de produção de aves, de total dependência de material genético internacional. O País pode aumentar o poder de negociação com fornecedores de material genético, que em alguns casos são empresas concorrentes, forçando o envio de material genético de melhor qualidade para o Brasil.

Os programas de melhoramento genético de suínos, por meio da utilização de metodologias de genética quantitativa, como o BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*), têm obtido ganhos genéticos significativos em características de grande impacto econômico, como a conversão alimentar. Para que um programa de melhoramento seja competitivo, os animais

produzidos por ele devem ser, no mínimo, equivalentes aos concorrentes em desempenho e custo, sendo o segundo a grande vantagem da produção em programas próprios. Apesar disso, além de capacidade de competir, o programa necessita manter seus ganhos, o que é medido pelos seus ganhos genéticos, descrito por Albuquerque (2003) como a diferença entre a média dos filhos dos animais selecionados e a média do rebanho na geração paterna.

O ganho genético é função do diferencial de seleção e da herdabilidade da característica. O diferencial de seleção mede a diferença entre os indivíduos selecionados para pais da próxima geração e a média de toda a população disponível para seleção. Assumindo-se que a população segue a distribuição normal tem-se que o valor do diferencial de seleção depende da relação entre a proporção selecionada e a variação existente na população, sendo denominada intensidade de seleção a relação entre o diferencial de seleção e o desvio-padrão fenotípico. A rapidez com que os ganhos genéticos são passados às gerações sucessoras é aspecto de grande importância nos programas de seleção e isto constitui o intervalo médio de gerações, que mede a idade média dos pais à época de nascimento de seus filhos.

Três são os fatores que afetam o ganho genético anual: diferencial de seleção, intervalo de gerações e herdabilidade da característica.

Com relação ao diferencial de seleção, a baixa eficiência reprodutiva associada à alta mortalidade e, conseqüentemente, à baixa taxa de reposição anual, contribuem para que o diferencial de seleção seja pequeno na população disponível para a seleção. Medidas capazes de elevar a eficiência reprodutiva, assim como redução de mortalidade, trarão como resultado um diferencial de seleção maior.

Todos os aspectos que resultam em baixa eficiência reprodutiva também contribuem para alongar o intervalo de gerações. A diminuição do intervalo de gerações implica na manutenção de animais no rebanho por menor número de anos, o que resulta em menor número de progênes por reprodutor, redução da acurácia dos valores genéticos, maior necessidade de reposições e, conseqüentemente, menor diferencial de seleção. Em cada situação há um ótimo número de anos em que os animais devem ser mantidos no rebanho.

Já a herdabilidade pode ser aumentada pela diminuição da variância do meio ou pelo aumento da variância aditiva (PEREIRA, 2008).

Além dos aspectos citados anteriormente necessitam ser otimizados, como intensidade de seleção, mortalidade, intervalo de gerações, reposição, outro ponto importante para programas que trabalham com populações fechadas, como é o caso dos suínos, é a manutenção de níveis adequados de consanguinidade na população, já que seu aumento provoca perda da variabilidade genética, reduzindo a taxa potencial da seleção. Também

aumenta a incidência de anormalidades genéticas pela expressão de genes deletérios que estavam encobertos na população. Por outro lado, a consanguinidade promove diferenciação genética entre linhagens e uniformidade genética dentro delas. Na prática, a determinação do número máximo de filhos(as) por macho/fêmea a serem mantidos no plantel impacta diretamente nos níveis de consanguinidade.

Por tratarem-se de mudanças estáveis e permanentes, aquelas produzidas pelo melhoramento genético, além de levarem cerca de 3-4 anos para chegarem ao final da cadeia produtiva suinícola, o frigorífico, e terem grande impacto econômico, a determinação de estratégias de seleção não pode dar-se por experimentos de tentativa e erro, assim, o uso de simulações se faz uma alternativa.

Pesquisadores referem-se à importância da simulação de dados, alegando que sua utilização permite a realização de estudos de métodos de seleção, de testes de pressuposições matemáticas e de avaliações de novas metodologias de seleção (CUNHA et al., 2003; BREDA et al., 2004; REIS et al., 2009; YAMAKI, 2009; PESSOA, 2015). Para Silva et al. (2001), além de fornecer resultados confiáveis, este procedimento possibilita também uma redução de tempo e custo inerentes a pesquisas desenvolvidas na área de melhoramento genético.

O presente trabalho teve o objetivo geral de avaliar, através de simulação de dados, diferentes estratégias de seleção adotadas em programa de melhoramento genético de suínos e seus impactos nos níveis de consanguinidade e ganhos genéticos. Além de, especificamente, estimar o impacto de taxas produtivas e reprodutivas e o impacto de restrições no número máximo de filhos e filhas por macho ou fêmea nos níveis de consanguinidade do plantel e no ganho genético.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Simulação de dados em programas de melhoramento genético

A simulação de dados está sendo cada vez mais utilizada no melhoramento animal, se tornando uma importante ferramenta, não só para a diminuição dos custos de um programa de melhoramento, mas também para a diminuição do período de tempo necessário para avaliar o comportamento de diferentes parâmetros em estudo e assim aplicar os resultados em populações reais (FARAH, 2010). Diversos trabalhos relatam a utilização de simulação para avaliação de programas de melhoramento genético (POLLAK et al., 1984; JOHNSON & NOTTER, 1987; SORENSEN et al., 2001; CARVALHEIRO et al., 2002; HAO et al., 2004; KUEHN, 2005; CUNHA et al., 2006; ASSIS et al. 2007; SOUZA, 2008; FARAH, 2010; GANDINI et al., 2014; PESSOA, 2015).

Cunha et al. (2006) afirma que o uso de dados simulados permite conduzir a seleção por várias gerações sucessivas, necessárias para avaliar o comportamento dos diferentes parâmetros e, dessa forma, extrapolar os resultados para as populações reais, diminuindo o tempo de execução da avaliação genética dos animais. Segundo os mesmos autores, alguns métodos utilizados para propiciar um rápido progresso genético com a diminuição do intervalo de gerações e o aumento da intensidade de seleção, podem levar a um alto grau de endogamia entre os animais, implicando na redução da variabilidade genética, o que afeta as características relacionadas à reprodução.

Segundo Farah (2010), o desenvolvimento de programas de simulação genética se torna uma ferramenta muito útil para simulação de características e ambientes diversos, obtendo assim uma predição sobre as possíveis respostas de uma determinada população sob a influência de diversos fatores, auxiliando os profissionais nas tomadas de decisões e no aumento da eficiência de metodologias aplicadas ao melhoramento genético.

Diversos softwares disponíveis para simulação em melhoramento animal, cada um com suas particularidades, têm sido utilizados com o objetivo de reduzir os custos e disponibilizar os resultados em um período de tempo reduzido. Porém, alguns problemas impedem a ampla utilização de simuladores pela comunidade científica, como os custos de aquisição e licença; desenvolvimento para um único sistema operacional, especificidade dos modelos; e impossibilidade de alterar o código-fonte para adaptá-lo a situações particulares da rotina do programa de melhoramento.

No meio comercial, diversas empresas utilizam-se de simuladores construídos especificamente para seus programas de melhoramento genético, seja para definir ponderadores dos índices de seleção, indicar acasalamentos que otimizem os ganhos genéticos, avaliar estratégias de seleção, dentre outras.

2.2 Consanguinidade em populações fechadas

Em espécies domésticas, a maioria dos rebanhos podem ser considerados como populações de tamanho limitado devido ao pequeno número de reprodutores, a contribuição desigual de cada um para a formação das próximas gerações, além do parentesco entre os reprodutores selecionados (ROBERTSON, 1961), devido a isto, Gandini et al. (2014) salientam a necessidade do acompanhamento acurado do coeficiente de consanguinidade em populações sob seleção.

O coeficiente de consanguinidade estima a probabilidade de que dois alelos, em qualquer loco num indivíduo, sejam idênticos (KRISTENSEN & SORENSEN, 2005). Wright (1922) descreveu esse coeficiente como sendo obtido pelo acompanhamento do pedigree do indivíduo até o ancestral comum dos pais, incluindo as probabilidades de cada segregação. A consequência principal de dois indivíduos terem um ancestral comum é que ambos podem carregar réplicas de um dos genes presentes no ancestral, e, se acasalarem, podem transmitir essas réplicas à sua progênie.

O coeficiente de consanguinidade depende do tamanho efetivo da população e, quanto menor for o tamanho da população, em gerações anteriores, maior será o número de ancestrais comuns e maior será o coeficiente de endogamia (BREDA et al., 2004). Para Breda et al. (2004), como consequências de taxas elevadas de consanguinidade, tem-se a perda parcial do ganho genético obtido por seleção e a redução do valor fenotípico médio, evidenciado, principalmente, pelos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica, fenômeno conhecido por depressão endogâmica, ressaltam ainda que a falta de programa de acasalamento eficiente e o fato de se trabalhar com rebanhos fechados têm sido fatores determinantes no avanço contínuo do nível de consanguinidade e do número de animais endogâmicos, e que isso se acentua quando a seleção é praticada em apenas uma característica.

Leroy (2014) afirma que a endogamia, em virtude de sua consequência sobre as características de interesse, é um tema de grande interesse para geneticistas e criadores de animais. Com base em uma meta-análise realizada com 57 estudos em sete espécies de

animais, considerando uma ampla variedade de características selecionadas, estimou que a depressão endogâmica corresponde em média a uma diminuição de 0,137% na média de uma característica, ou 0,560 desvio-padrões, para cada um por cento de endogamia. A depressão foi maior para as características de produção (redução de 0,351% ou 0,817 desvio-padrões) do que para as reprodutivas e de sobrevivência (redução de 0,222% ou 0,336 desvio-padrões), de conformação (redução de 0,092% ou 0,473 desvio-padrões) e de apurmos (redução de 0,215% ou 1,009 desvio-padrões). Para este autor, nas populações de animais puros, a depressão endogâmica pode afetar o rendimento econômico.

2.3 Perdas reprodutivas em suínos

Para Bortoletto et al. (2014), a base para o sucesso na criação dos animais de produção se fundamenta em reprodução e sanidade. Para obtenção de lucro máximo, o ideal seria que todas as fêmeas e machos tivessem uma taxa reprodutiva de 100%, nenhuma mortalidade de leitões e nenhuma doença afetando o rebanho. Dentre as falhas reprodutivas mais importantes em uma granja, pode-se citar: retorno ao estro (regular ou irregular), a pseudo-gestação, fêmeas vazias ao parto e abortamento (de origem infecciosa ou não). Essas falhas reprodutivas, além de contribuírem com o aumento dos dias não produtivos de um plantel, também contribuem negativamente com o aumento da taxa de descarte do mesmo (FILHA et al., 2006).

Segundo Mellagi et al. (2006) os abortamentos contribuem negativamente para os índices reprodutivos na suinocultura, pois com a perda da prenhes, há diminuição da taxa de parto, com conseqüente redução no número de leitões produzidos ao ano. Além disso, o aumento dos dias não produtivos, representa perdas econômicas e aumento dos custos de produção.

O retorno ao cio é um desafio na criação suína, devendo ser diagnosticado e combatido o mais rapidamente possível, de forma a evitar grandes prejuízos econômicos. Indica falhas na concepção, e, a cada cio em que não há fertilização, são contabilizados dias não produtivos. Esse problema possui diversas causas, o que requer uma análise completa da situação das reprodutoras para identificar corretamente o problema.

O anestro não fisiológico também contribui para o aumento dos dias não produtivos da fêmea. Diversos fatores estão envolvidos no atraso ao retorno a ciclicidade, como a duração da lactação, ordem de parto, estação do ano, ingestão de nutrientes durante a lactação,

exposição ao macho após o desmame, tamanho da leitegada lactente e genética, entre outros (DIAL et al., 1992).

Além das questões supracitadas, as falhas reprodutivas levam a menor disponibilidade de animais para seleção, menores intensidades de seleção e, por conseguinte, menores ganhos genéticos, além de representarem descartes involuntários de reprodutores.

2.4 Mortalidade em suínos

A taxa de mortalidade é determinante para o sucesso de um programa de melhoramento, uma vez que interfere na disponibilidade de candidatos à seleção, afetando drasticamente a intensidade de seleção e o ganho genético. De acordo com Abrahão et al. (2004), considerando o mundo todo, 4% a 10% dos suínos nascidos morrem durante o parto. Estudo realizado por Lisboa (1996), concluiu que a mortalidade na espécie suína pode atingir altos índices (15 a 18%) do nascimento à desmama, sendo que deste total 2,4% a 10% ocorre durante o parto, com altas taxas de mortalidade na primeira semana de vida dos leitões.

Durante a lactação, o maior número de mortes ocorre entre o terceiro e o sétimo dia de vida, sendo as principais causas o esmagamento, o baixo peso/desenvolvimento, a síndrome diarreica e os defeitos genéticos, dentre outros, que podem estar relacionados a: desenho e espaço da cela-maternidade, aquecimento e manejo das fontes de calor, higiene das instalações, capacitação e dedicação de colaboradores do setor da maternidade, além dos problemas de natureza infecciosa ou não (CUTTLE, 1999).

Outros autores afirmam que nas últimas décadas, a gestão da mão de obra e sua eficiência têm sido muito estudadas em função da escassez; relatam que as principais causas de mortalidade na maternidade, incluindo a ocorrência de natimortos intraparto e leitões nascidos com baixa viabilidade, hipotermia dos leitões pós-parto, fome ou desidratação, infecções, esmagamento e agressividade da matriz, têm influência direta da supervisão dos animais, especialmente no momento dos partos e identificação de animais doentes (HOLYOAKE et al. 1995, KIRKDEN et al. 2013, PELTRONIEMI & OLIVIERO, 2015).

A mortalidade durante o crescimento e a terminação também tem grande impacto na lucratividade da atividade suinícola, em especial por se tratar de animais que acumulam todo o custo das fases anteriores. As mortalidades nestas fases podem ter cunho infecciosos e não infecciosos, como a úlcera gástrica e a torção do mesentério (CHRISTIANSON, 2006). De modo geral, a mortalidade durante o crescimento/terminação, devido a torção do mesentério é de 1 a 2%, cerca de 1/3 do total das mortes nesta fase. Entretanto, em alguns rebanhos

predispostos a torção do mesentério pode causar mortalidade acima de 4% (STRAW et al., 2002).

A torção do mesentério é a causa mais comum de morte súbita e esporádica em suínos durante o crescimento/engorda e geralmente afeta os melhores animais do lote. O suíno é particularmente susceptível à torção do mesentério pois toda a massa intestinal (cerca de 20 metros) está aderida à carcaça por uma estrutura suspensa chamada mesentério, conectada à parte ventral da coluna vertebral em apenas alguns centímetros de comprimento. Esta estrutura é fundamentalmente instável e a presença excessiva de gás em parte ou todo o intestino aumenta essa instabilidade, deixando o intestino suspenso no abdômen, quando movimentos súbitos podem levar à rotação e torção do mesentério. Dessa forma, as condições básicas para ocorrência da torção do mesentério são condições que provocam excessiva produção de gás, como ingestão rápida ou em excesso de alimento em rebanhos de alto desempenho (MORÉS, 2009).

ARTIGO I
ESTRATÉGIAS PARA CONTROLE DA ENDOGAMIA EM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE
DADOS

Estratégias para controle da endogamia em programa de melhoramento genético de suínos por meio de simulação de dados

Jader Silva Lopes ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Av. Roraima, nº 1.000, Santa Maria/RS, CEP 97105-700, jadersilvalopes@gmail.com

Resumo – O objetivo deste estudo foi avaliar, através de simulação de dados, o impacto de restrições no número máximo de filhos e filhas por macho ou fêmea nos níveis de consanguinidade do plantel e no ganho genético. Os dados das populações reais A, composta por suínos da raça Pietrain, e B, por suínos da raça Landrace, utilizados neste estudo, foram provenientes de duas linhagens localizadas em granjas no oeste do estado de Santa Catarina. Para gerar as populações simuladas foi desenvolvido um simulador em linguagem Fortran no qual utilizou-se as informações das populações reais: dois arquivos de dados iniciais, um contendo o pedigree dos últimos 10 anos, sendo 21.906 animais na população A e 251.343 animais na população B, e outro contendo os valores genéticos para idade, espessura de toucinho e conversão alimentar, todos ajustados para 110 kg de peso vivo, para ambas as populações, além de profundidade do músculo *longissimus dorsi* ajustada para 110 kg de peso vivo, somente para a população A, e número de leitões vivos ao 5º dia de vida, por parto – somente para a população B, dos animais selecionados em 2014 (Geração 0), além das (co)variâncias dos valores genéticos, as taxas e médias produtivas e reprodutivas, restrições de número de coberturas e número de animais selecionados por geração. Foram simulados três cenários variando nas restrições no número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados, para machos e fêmeas. Foram simuladas dez gerações, com 30 repetições cada geração e cenário. Os resultados da simulação de dados em programa de melhoramento genético de suínos permitem concluir que: há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado independente da estratégia utilizada; os incrementos de consanguinidade são maiores em populações de tamanho efetivo menor; restrições no número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados são eficientes para reduzir os incrementos de consanguinidade, sendo que a restrição de, no máximo, dois irmãos-completos e três meios-irmãos, para machos, e três irmãs-completas, para fêmeas, por ter obtido os maiores ganhos genéticos, é indicado como estratégia de seleção a ser adotada nestas populações.

Termos para indexação: consanguinidade, estratégias de seleção, irmão-completo, meio-irmão.

Strategies for control of inbreeding in breeding program of swine through data simulation

Abstract – The objective of this study was to evaluate, through simulation of data, the impact of restrictions on the maximum number of sons and daughters by male or female on levels of inbreeding and genetic gain. Data from real populations A, composed of Pietrain pigs, and B, by Landrace pigs, used in this study, came from two genetic lines located on farms in the west of the Santa Catarina state. To generate the simulated populations, a Fortran language

simulator was used in which the information of the real populations was used: two main input files, one containing the pedigree of the last 10 years, with 21,906 animals in population A and 251,343 animals in population B, And another one containing the estimated breeding values for age, backfat and feed conversion, all adjusted to 110 kg of live weight, for both populations, as well as depth of the *longissimus dorsi* muscle adjusted for 110 kg of live weight, only for population A, and number of live piglets at the 5th day of life, per farrowing - only for population B, of the selected animals in 2014 (Generation 0). In addition to the (co)variances of estimated breeding values, rates and productive and reproductive averages, number of mating and number of animals selected per generation. Three scenarios were simulated varying in the restrictions on the number of full siblings and half-siblings selected, for males and females. Ten generations were simulated, with 30 repetitions each generation and scenario. The results of the simulation of data in a breeding program of swine allow to conclude that: there is an increase in the inbreeding levels in a closed nucleus independent of the selection strategy used; the rate of inbreeding are larger in populations of smaller effective size; restrictions on the number of full siblings and half-siblings selected are efficient to reduce the rates of inbreeding, with the restriction of a maximum of two full-siblings and three half-siblings for males and three full-siblings for females, for having obtained the highest genetic gains, is indicated as a selection strategy to be adopted in these populations.

Index terms: consanguinity, full-sib, half-sib, strategies of selection.

Introdução

Assim como em outras espécies, os programas de melhoramento de suínos trabalham com rebanhos de elite fechados, o que torna a endogamia um aspecto importante. De maneira geral, o geneticista, por conhecer o efeito depressivo da consanguinidade, não a pratica de forma deliberada e, quando o faz, procura fazê-lo em níveis e taxas controladas. Entretanto, a tecnologia atual de inseminação artificial permite a utilização intensiva de animais com os melhores valores genéticos, o que induz ao aumento do parentesco dos animais dentro de uma mesma raça, e, a longo prazo, levará ao aumento da endogamia.

O processo de seleção com base em avaliação genética usando modelo animal, que tem sua acurácia incrementada com a inclusão de informações dos parentes, aumenta as chances de co-seleção de parentes, o que leva ao incremento das consanguinidades e perda nas variações genéticas (WOOLLIAMS et al., 2015). Consequentemente, o processo de melhoramento dos rebanhos pode ser afetado negativamente pela depressão endogâmica, também definida pelo declínio no valor fenotípico das características como consequência direta da consanguinidade (DARWIN, 1868; FALCONER & MACKAY, 1996).

A base genética da depressão endogâmica é explicada por duas hipóteses principais: a primeira, da dominância parcial (DAVENPORT, 1908; BRUCE, 1910), afirma que a depressão endogâmica é consequência da expressão de alelos recessivos deletérios em indivíduos homozigotos, e, como a consanguinidade incrementa a frequência de homozigotos,

alelos recessivos deletérios, que estão presentes em heterozigotos, se expressam. A segunda hipótese, da sobre-dominância (DAVENPORT, 1908; BRUCE, 1910), afirma que os heterozigotos são superiores a ambos homozigotos e a redução da frequência de heterozigotos devido à consanguinidade reduz a oportunidade de expressão desta sobre-dominância (CHARLESWORTH & CHARLESWORTH, 1987; 1999).

Em adição às duas hipóteses anteriores, uma terceira foi sugerida por Templeton e Read (1984; 1994), segunda a qual a depressão endogâmica é consequência da quebra da interação epistática entre loci causada pela consanguinidade.

Dentre as maneiras de controle dos níveis de consanguinidade dos rebanhos estão a determinação dos níveis críticos de parentesco permitidos nos acasalamentos, a seleção dentro das famílias e o limite no número de filhos por pai ou mãe a serem selecionados (WEIGEL, 2001; KRISTENSEN & SORENSEN, 2005; FERNÁNDEZ et al., 2011).

Neste trabalho objetivou-se avaliar, através de simulação de dados, o impacto de restrições no número máximo de filhos e filhas por macho ou fêmea sobre os níveis de consanguinidade do plantel e no ganho genético, em um Programa de Melhoramento Genético de Suínos.

Material e Métodos

Os dados das populações reais A, composta por suínos da raça Pietrain, e B, por suínos da raça Landrace, utilizados neste estudo, foram provenientes de duas linhagens localizadas em granjas no oeste do estado de Santa Catarina. O plantel ativo da população A foi composto por 125 fêmeas e 25 machos e o da população B, por 400 fêmeas e 45 machos.

Ao nascimento, os leitões foram submetidos à identificação individual, à pesagem e à aplicação de ferro dextrano e foi realizada a equalização das leitegadas por número e classe de peso em porcas que pariram na mesma semana. Uma segunda equalização foi realizada antes da desmama, que ocorre por volta dos 24 dias de idade dos leitões.

Os animais foram mantidos na fase de creche até a 10ª semana de idade e a partir desta, os machos foram criados em baias individuais, e as fêmeas, em baias coletivas de 12 animais. O peso vivo, a espessura de toucinho e a profundidade de músculo foram medidos na idade em que os animais terminaram o teste de desempenho (aproximadamente 20ª semana de idade) e a conversão alimentar foi mensurada apenas nos machos neste mesmo período.

Para gerar as populações simuladas foi desenvolvido um simulador em linguagem Fortran no qual utilizou-se as informações das populações reais. Foram constituídos dois arquivos de dados iniciais: um contendo o pedigree dos últimos 10 anos, compostos por

21.906 animais na população A e 251.343 animais na população B e outro, contendo os valores genéticos para idade ajustada para 110 kg de peso vivo – ID110, espessura de toucinho ajustada para 110 kg peso vivo – ET110 e conversão alimentar ajustada para 110 kg de peso vivo – CA110 para ambas as populações, além de profundidade do músculo *longissimus dorsi* ajustada para 110 kg de peso vivo – PM110 somente para a população A, e número de leitões vivos ao 5º dia de vida, por parto – LV5 somente para a população B, dos animais selecionados em 2014 (Geração 0 – G0), além das (co)variâncias dos valores genéticos, as taxas e médias produtivas e reprodutivas, restrições de número de coberturas e número de animais selecionados por geração (ANEXO A – Exemplo de cartão de parâmetros para o simulador).

As estimativas dos componentes de (co)variância das populações reais foram obtidas pelo programa REMLF90 (MISZTAL, 2002) que utiliza a maximização da esperança da função de máxima verossimilhança restrita (EMREML). O critério de convergência utilizado, definido pelo quadrado médio das diferenças entre soluções consecutivas, foi de 1×10^{-11} . As herdabilidades e os valores genéticos preditos foram obtidos a partir destes componentes de variância, utilizando o modelo animal multicaracterística para ID110, ET110, CA110 e PM110 ou unicaracterística para LV5.

O modelo utilizado para as análises multicaracterísticas envolvendo as populações reais foi: $y = X\beta + Z\mu + e$; em que: y = vetor das observações; β = vetor de efeitos fixos de grupo de contemporâneos – GC (animais nascidos na mesma linhagem, sexo, núcleo de produção, e mesmo ano e semana de fim de teste de desempenho); μ = vetor de efeitos genéticos aleatórios aditivos diretos; e = vetor de efeitos aleatórios residuais; X e Z são as matrizes de incidência respectivas para cada efeito. Já para as análises unicaracterísticas foi: $y = X\beta + Z_1\mu + Z_2pe + e$; em que: y = vetor das observações; β = vetor de efeitos fixos de grupo de contemporâneos – GC (animais nascidos na mesma linhagem, sexo, núcleo de produção, e mesmo ano e semana de parto) e de ordem de parto (de um a cinco partos); μ = vetor de efeitos genéticos aleatórios aditivos diretos; pe = vetor de efeitos genéticos aleatórios de ambiente permanente; e = vetor de efeitos aleatórios residuais; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência respectivas para cada efeito.

A partir dos animais selecionados da G0, o simulador aplicou perdas pós-seleção e acasalou aleatoriamente, dentro das restrições impostas, por meio de uma distribuição uniforme $U \sim (0,1)$, os machos com as fêmeas, restringindo o número de coberturas por animal, o parentesco entre os casais, o número de partos/fêmea e a taxa de parição. Os coeficientes de parentesco entre os animais utilizados nas restrições de acasalamentos foram

calculados utilizando o programa par3.f (BOICHARD, 2002). De cada acasalamento bem-sucedido, calculou-se o número de leitões em fim de teste de desempenho por parto (NFT) na geração 1 – G1, considerando dados como número de leitões nascidos, taxas de mortalidade nas fases de parição, maternidade, creche e teste de desempenho, além de outras perdas. Com base nas populações reais, calculou-se a média (MEDNFT) e o desvio-padrão (DPFT) do NFT, os quais foram utilizados para calcular o NFT de cada acasalamento bem-sucedido, como: $NFT = MEDNFT + z * DPFT$, sendo z um valor aleatório obtido de uma distribuição normal padronizada – $N \sim (0,1)$.

De acordo com Van der Werf e De Boer (1990), o valor genético de cada animal é calculado como: $a_i = \frac{1}{2}a_{s_i} + \frac{1}{2}a_{d_i} + \phi_i$, onde a_{s_i} e a_{d_i} correspondem aos valores genéticos do pai e da mãe para a característica i , respectivamente, e ϕ_i resulta da segregação mendeliana, que é independente dos a_{s_i} e a_{d_i} (BULMER, 1971). A variância de ϕ_i pode ser descrita como:

$\phi_i = \frac{1}{2} \left[1 - \frac{1}{2}(F_s + F_d) \right] \sigma_a^2$, onde F_s e F_d correspondem aos coeficientes de consanguinidade do pai e da mãe, respectivamente.

Na simulação em questão, o componente da variância utilizado foi a matriz de (co)variâncias dos valores genéticos das quatro características (G_a) obtido de cada população real, de forma que o valor genético aditivo (a_i) de cada animal da próxima geração foi gerado como:

$$a_i = \frac{1}{2}a_{s_i} + \frac{1}{2}a_{d_i} + z \sqrt{\frac{1}{2} \left[1 - \frac{1}{2}(F_s + F_d) \right] G_a}$$

onde z representa um valor aleatório obtido de uma distribuição normal padronizada – $N \sim (0,1)$.

Após a geração dos valores a_i dos animais em fim de teste de desempenho da G1, os animais foram classificados a partir de um índice de seleção que agrupou as quatro características (ID110, ET110, CA110 e PM110 ou LV5) e aplicou-se uma taxa de perdas aleatórias na seleção. Em seguida, um número fixo de animais foi selecionado (o equivalente a aproximadamente 140% de reposição anual para as fêmeas e 200% para os machos), considerando restrições de irmãos completos e meios-irmãos, para machos e fêmeas. Com o conhecimento dos animais selecionados na G1, todo o processo se repetiu, até o número de dez gerações, definido no cartão de parâmetros.

Foram simulados três cenários, variando o número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados, para machos e fêmeas, conforme quadro abaixo. Os valores utilizados partiram de experiência prévia nas populações reais e variaram de acordo com o tamanho efetivo das populações.

Quadro 1 – Número máximo de irmãos completos e meios-irmãos permitidos à seleção de acordo com o sexo e população para cada cenário simulado

Cenário	Machos		Fêmeas	
	Número máximo de irmãos completos	Número máximo de meios-irmãos	Número máximo de irmãos completos	Número máximo de meios-irmãos
	População A			
Cenário 1	0	1	1	14
Cenário 2	1	2	2	14
Cenário 3	2	3	3	20
	População B			
Cenário 1	0	1	1	31
Cenário 2	1	2	2	31
Cenário 3	2	3	3	35

De acordo com Carneiro et al. (2008), em processos de simulação com apenas uma repetição, a oscilação genética influencia o ganho genético, principalmente em populações com pequeno tamanho efetivo, comprometendo a comparação de metodologias de avaliação genética. A utilização de 30 repetições do processo de simulação permite obter resultados consistentes em estudos comparativos de metodologias de avaliação genética utilizando simulação. Desta forma, para cada cenário simulado, foram utilizadas 30 repetições por geração.

A eficiência de cada cenário foi estimada considerando o controle dos incrementos na consanguinidade média dos plantéis, calculados da seguinte forma: $\Delta F_t = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$; onde t é o número da geração, F_t é a média do coeficiente de consanguinidade da geração t (WRIGHT, 1922), além dos ganhos genéticos por geração, para cada característica, sendo $GG_t = VGFT_t - VGFT_{t-1}$, onde t é o número da geração, GG_t representa o ganho genético na geração t e $VGFT_t$ a média dos valores dos animais em fim de teste na geração t .

Resultados e Discussão

O coeficiente de endogamia (F_a) na geração 0 (G_0) para a população A, 0,0399, foi maior que para a população B, 0,0235. Este resultado está de acordo com a literatura (VAN DER WERF & DE BOER, 1990; BREDA et al., 2004, KRUPA et al., 2015), os quais relataram que as populações de menor tamanho efetivo (N_e) apresentaram os maiores coeficientes de endogamia, em razão da maior probabilidade de acasalamentos entre os indivíduos aparentados nessas populações, em comparação com as de maior N_e . Os N_e das populações A e B foram, respectivamente, 83 e 162. Maiores valores de endogamia foram relatados por Melka e Schenkel (2010), que encontraram F_a de 0,18 para o rebanho canadense da raça Hampshire ($N_e=14$) e 0,12 para o rebanho canadense da raça Lacombe ($N_e=36$), enquanto que os rebanhos canadenses das raças Duroc ($N_e=72$) e Landrace ($N_e=125$) não excederam 0,06 de F_a . Assim como os valores relatados por Welsh et al. (2010) que observaram 0,032 a 0,078 para rebanhos suínos puros dos Estados Unidos da América de N_e variando de 74 a 113. Um aspecto que deve ser considerado ao comparar-se os F_a de diferentes populações é o número de gerações utilizadas para a estimação deste parâmetro, pois o número reduzido de gerações tende a subestimar o F_a das populações. Nas comparações acima este aspecto não foi preponderante, pois no caso das raças Duroc e Landrace estudadas por Melka e Schenkel (2010), por exemplo, nas quais os baixos F_a poderiam estar subestimados, os autores utilizaram 13 e 11 gerações, respectivamente, para estimar os F_a .

O N_e da população é um dos aspectos que mais tem influência sobre a endogamia, sendo que em populações maiores os incrementos de endogamia são menores. Entretanto, a principal restrição para a utilização de tamanhos populacionais maiores é o custo elevado de manutenção da população, sendo então necessária a procura de um tamanho efetivo que proporcione os melhores resultados para a otimização da relação custo-benefício. Meuwissen e Woolliams (1994) recomendaram que os rebanhos tenham tamanho efetivo de 50 ou mais, correspondendo a um incremento de consanguinidade $<1\%$, para manter controladas as mutações deletérias. Esta recomendação concorda com aquela sugerida por Kristensen e Sorensen (2005), os quais afirmam que o tamanho efetivo de população de 50 é suficiente para evitar a depressão endogâmica no curto prazo. Por outro lado, Franklin e Frankham (1998) relataram que para manutenção de variância genética no longo prazo é necessário tamanho efetivo maior que 500.

Em todos os cenários simulados houve aumento nos níveis de consanguinidade até a 10^a geração, para ambas populações, com maiores valores quando as restrições foram mais

brandas (cenário 3) – Gráfico 1 e 2, semelhante ao relatado por Breda et al. (2004) que observaram que mesmo a exclusão de acasalamentos entre irmãos completos não evita o acúmulo de endogamia a médio e longo prazos.

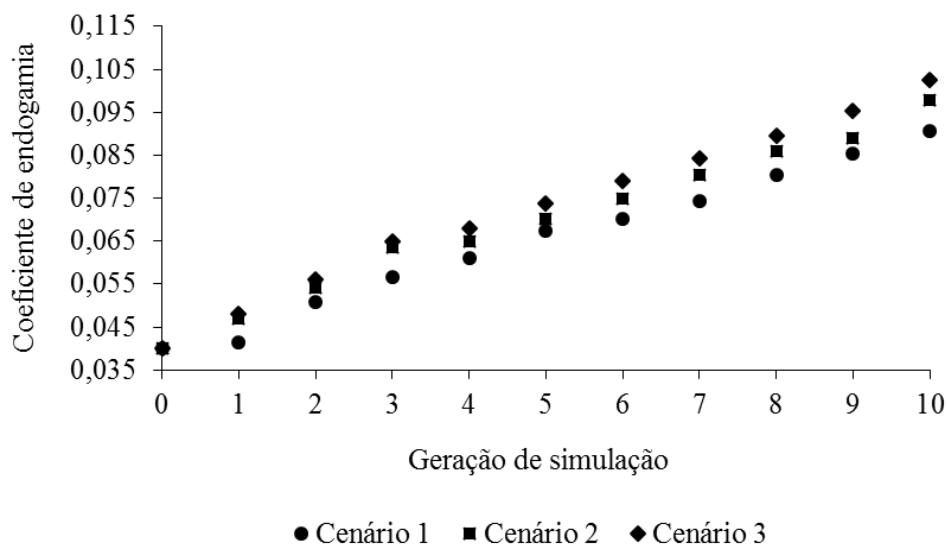


Gráfico 1 – Coeficiente de endogamia da população A, a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados

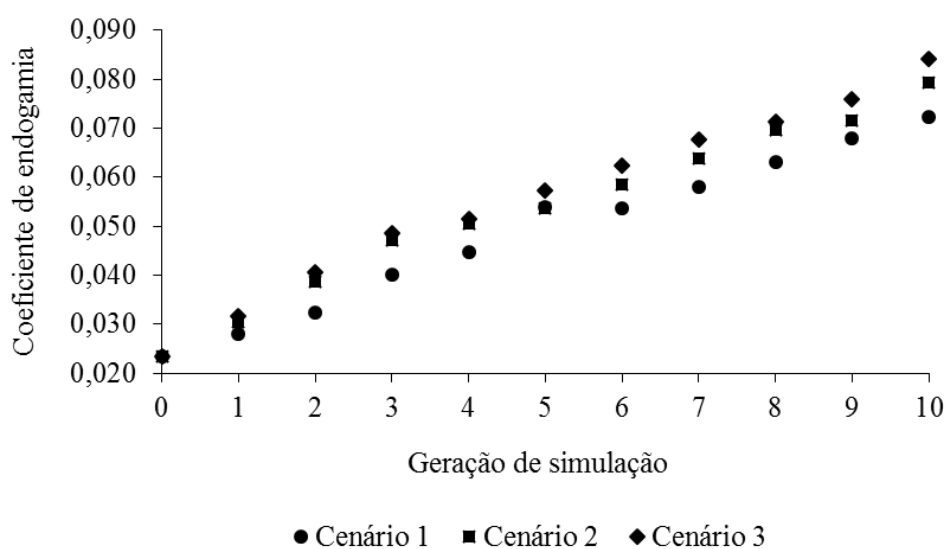


Gráfico 2 – Coeficiente de endogamia da população B, a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados

Tabela 1 – Incremento de endogamia a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B

Geração	População A			População B		
	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3
1	0,0015	0,0072	0,0084	0,0046	0,0071	0,0083
2	0,0099	0,0076	0,0084	0,0046	0,0085	0,0093
3	0,0060	0,0101	0,0095	0,0080	0,0089	0,0083
4	0,0047	0,0014	0,0033	0,0046	0,0035	0,0032
5	0,0067	0,0056	0,0061	0,0097	0,0034	0,0060
6	0,0030	0,0052	0,0056	-0,0002	0,0052	0,0055
7	0,0046	0,0057	0,0057	0,0045	0,0056	0,0056
8	0,0065	0,0062	0,0060	0,0053	0,0061	0,0037
9	0,0054	0,0032	0,0063	0,0053	0,0020	0,0051
10	0,0058	0,0097	0,0081	0,0046	0,0085	0,0090
Média	0,0054	0,0062	0,0067	0,0051	0,0059	0,0064

Os incrementos de consanguinidade (ΔFa) foram levemente inferiores para a população B, na média dos três cenários simulados (0,0058 contra 0,0061 para a população A) – Tabela 1. As restrições mais brandas dos cenários 2 e 3 produziram ΔFa cerca de 15% e 25% maiores que o cenário 1, entretanto, tais incrementos estão dentro dos parâmetros indicados pela FAO (2000), a qual sugere que o ΔFa não deve exceder 0,01. Por outro lado, menores valores foram relatados por Krupa et al. (2015) avaliando populações puras de suínos na República Tcheca (0,0017 a 0,0056) com N_e variando de 29 a 225.

Os incrementos deste estudo também foram maiores que aqueles relatados por Gandini et al. (2014), 0,003, para uma população simulada com N_e igual a 120. Estes mesmos autores, apesar de não relatarem seus valores de intensidade de seleção, destacaram o efeito da intensidade de seleção praticada em cada simulação como fator de grande impacto nos incrementos de consanguinidade.

Filho (2005) simulou cenários que contemplavam diferentes tipos de acasalamentos e encontrou incremento de consanguinidade de 0,005 para uma população de N_e igual a 120 e acasalamentos compensatórios, utilizando intensidades de seleção de machos (i_m) de 1,51 e de fêmeas (i_f) de 0,80.

Os valores de intensidade de seleção praticados no presente trabalho foram, em média, de 2,20 e 1,55, respectivamente para machos e fêmeas, para a população B, e de 1,97 e 1,40, respectivamente para machos e fêmeas, para a população A, explicando parte do maior incremento de consanguinidade encontrado.

Os incrementos na consanguinidade têm como um dos principais prejuízos a redução da variância genética e, conseqüentemente, dos ganhos genéticos potenciais das populações (KRISTENSEN & SORENSEN, 2005; WILLOUGHBY et al., 2015). Na população A, a variância dos valores genéticos para conversão alimentar ajustada para 110 Kg ($\sigma^2_{VGCA110}$) reduziu, em média, 4,88% até a 10^a geração (G_{10}), já para a população B a $\sigma^2_{VGCA110}$ aumentou, em média, 2,18% até a G_{10} . Essa diferença se deu, pois, a classificação dos animais para seleção foi feita por índice de seleção, composto por quatro características, sendo que na população A o peso econômico para conversão alimentar ajustada para 110 Kg de peso vivo (CA110) foi o maior entre as características, o que não ocorreu na população B, em que o maior peso econômico foi para os valores genéticos para número de leitões vivos ao 5^o dia de idade, por parto (LV5), que teve sua σ^2_{VGLV5} reduzida, em média, em 3,11% até a G_{10} . As maiores perdas de variabilidade genética foram observadas na população A, comparada com a população B, concordando com a literatura que relata maiores perdas de variabilidade decorrente do aumento da consanguinidade em população de menor N_e (ALLENDORF & LUIKART, 2007; WILLOUGHBY et al., 2015).

Na comparação entre os cenários simulados, para a $\sigma^2_{VGCA110}$ da população A, o cenário 2 obteve valor, em média das gerações, 2,5% menor que o cenário 1, já o cenário 3 obteve valor 3,0% menor que o cenário 1. Tendência semelhante foi observada para σ^2_{VGLV5} da população B, onde os valores foram 0,5% e 1,0% menores, respectivamente para os cenários 2 e 3, comparados ao cenário 1.

Segundo Kristensen e Sorensen (2005), o efeito dos níveis de consanguinidade e dos incrementos de consanguinidade sobre a variância genética é amplamente relatado em melhoramento animal com correlação negativa, entretanto, em baixos níveis de consanguinidade a previsibilidade desta correlação é menor, dependendo, por exemplo, da pressão de seleção e da base genética da característica em questão. Resultados experimentais e teóricos mostram que a variância genética aditiva pode incrementar com a consanguinidade em algumas circunstâncias, como as relatadas por estes mesmos autores, quando simularam dois cenários em uma população de N_e igual a 50: no primeiro cenário simularam a variância genética não-aditiva como 40% da variância genética aditiva, representando características de produção, e no segundo cenário a variância não-aditiva era igual à aditiva, representando características de fertilidade. Até a G_{10} , no primeiro cenário, a variância genética aditiva teve leve decréscimo, já no segundo, houve aumento da variância genética aditiva. Posteriormente à G_{10} , a variância genética aditiva reduziu 30 a 40% até a centésima geração, apesar disso, os

autores relataram que neste horizonte de longo período as variâncias podem desviar consideravelmente do esperado/simulado.

Além da variância da característica, o ganho genético é afetado pela intensidade de seleção, pela acurácia dos valores genéticos e pelo intervalo de gerações (BOURDON, 1997; ABELL, 2009). Há uma correlação positiva entre ganho genético e cada um destes componentes, com exceção do intervalo de gerações. A intensidade de seleção é determinada pelo número de animais selecionados para auto reposição em relação ao número de animais aptos à seleção. Uma alta intensidade de seleção significa que um pequeno grupo de animais será selecionado para auto reposição dentro de um grande grupo disponível. Isto pode ser produzido reduzindo o número de animais selecionados com o mesmo número de animais disponíveis e aptos à seleção, ou aumentando o número de disponíveis e aptos à seleção com constante número de selecionados, considerando que os animais adicionais disponíveis e aptos à seleção estejam dentro da distribuição normal da população. Altas intensidades de seleção permitem a seleção de animais acima da média, enquanto baixas intensidades forçam a seleção de animais próximos à média ou abaixo (BOURDON, 1997).

A acurácia é largamente baseada na herdabilidade das características em seleção. A herdabilidade retrata a proporção da variância fenotípica total associada à variância genética. Um incremento na herdabilidade denota que a característica é menos influenciada por fatores ambientais. No presente estudo, a herdabilidade para a característica reprodutiva, selecionada somente na população B, foi de 0,11 para LV5, já para CA110 foram de 0,45 e 0,37 para as populações A e B, respectivamente, concordando com Yamaki (2009), que encontrou herdabilidade para CA110 de 0,48 e 0,33, respectivamente, para populações das raças Pietrain e Landrace. Semelhante a este estudo, NSIF (2002) reportou herdabilidade de 0,10 para número de leitões nascidos vivos, 0,15 para peso ao desmame ajustado para 21 dias de idade e de 0,30 para dias para atingir 250 libras de peso vivo (113,4 Kg), assim como Rothschild e Bidanel (1998) estimaram herdabilidade de 0,09 para número de leitões nascidos vivos e 0,17 para peso ao desmame ajustado para 21 dias de idade. Já nos estudos de Hermes et al. (2002) e de Hoque et al. (2007), para estimar parâmetros genéticos para medidas de eficiência alimentar de machos Duroc, foram obtidas herdabilidade de 0,15 e 0,27 para conversão alimentar, respectivamente para os dois estudos, menores que aquelas estimadas neste estudo.

Neste trabalho os valores de ganhos genéticos para CA110 foram, na média dos cenários, -0,077 Kg/Kg e -0,036 Kg/Kg, respectivamente para as populações A e B (Tabela 2). Tais ganhos são superiores aqueles descritos por Do et al. (2013) para as populações de suínos dinamarqueses das raças Landrace (aproximadamente -0,027 Kg/Kg a cada ano) e

Large White (aproximadamente -0,030 Kg/Kg a cada ano), por Tribout et al. (2010) para uma população de suínos franceses da raça Large White (-0,300 Kg/Kg de 1977 a 1998) e por Orlando et al. (2016) para suínos da genética PIC na média dos últimos três anos (-0,020 Kg/Kg), no estrato comercial.

Tabela 2 – Ganho genético para conversão alimentar ajustada para 110 Kg de peso vivo a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B

Geração	População A			População B		
	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3
1	-0,0765	-0,0787	-0,0802	-0,0351	-0,0368	-0,0375
2	-0,0742	-0,0779	-0,0777	-0,0367	-0,0378	-0,0371
3	-0,0736	-0,0750	-0,0753	-0,0357	-0,0365	-0,0365
4	-0,0752	-0,0758	-0,0757	-0,0345	-0,0358	-0,0374
5	-0,0742	-0,0768	-0,0766	-0,0355	-0,0366	-0,0366
6	-0,0727	-0,0773	-0,0776	-0,0350	-0,0363	-0,0356
7	-0,0759	-0,0775	-0,0765	-0,0356	-0,0371	-0,0368
8	-0,0752	-0,0781	-0,0768	-0,0357	-0,0371	-0,0369
9	-0,0746	-0,0780	-0,0777	-0,0353	-0,0365	-0,0366
10	-0,0757	-0,0786	-0,0780	-0,0354	-0,0365	-0,0358
Média	-0,0748	-0,0773	-0,0772	-0,0354	-0,0367	-0,0366

Tabela 3 – Ganho genético para número de leitões vivos ao 5º dia de idade, por parto, a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para a população B

Geração	População B		
	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3
1	0,3287	0,3707	0,3843
2	0,3304	0,3343	0,3322
3	0,3174	0,3208	0,3204
4	0,3155	0,3204	0,3256
5	0,3106	0,3212	0,3172
6	0,3196	0,3297	0,3277
7	0,3155	0,3234	0,3131
8	0,3142	0,3308	0,3237
9	0,3093	0,3254	0,3314
10	0,3190	0,3344	0,3244
Média	0,3180	0,3311	0,3300

Na comparação dos cenários, na média das dez gerações, o cenário 2 obteve ganhos genéticos para CA110 3,4% e 3,6% melhores que o cenário 1 e o cenário 3 obteve ganhos 3,2% e 3,5% melhores que o cenário 1, respectivamente para as populações A e B. Tais resultados demonstram que as menores restrições à seleção dos cenários 2 e 3, foram capazes de fornecer ganhos genéticos superiores ao cenário 1. Resultados semelhantes foram observados para a característica LV5 na população B (Tabela 3), com ganho genético médio de 0,33 LV5/parto na média dos cenários e gerações, sendo o cenário 2 4,1% melhor e o cenário 3 3,8% melhor quando comparados com o cenário 1.

Conclusões

Os resultados da simulação de dados em programa de melhoramento genético de suínos permitem concluir que: há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado independente da estratégia utilizada; os incrementos de consanguinidade são maiores em populações de tamanho efetivo menor; restrições no número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados são eficientes para reduzir os incrementos de consanguinidade; o cenário 2, por ter obtido os maiores ganhos genéticos e incrementos de consanguinidade dentro de limites aceitáveis, é indicado como estratégia de seleção a ser adotada nestas populações.

Agradecimentos

À empresa BRF S/A e seu Programa de Melhoramento Genético de Suínos, pela concessão do banco de dados e viabilidade da execução do presente estudo. Ao Laboratório de Melhoramento Animal da UFSM, representando o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UFSM, pela oportunidade de realização do doutoramento. Especialmente, ao pesquisador Marcelo Silva de Freitas, pelo desenvolvimento do simulador utilizado neste trabalho.

Referências

- ABELL, C.E. **The effect of breeding herd parity structure on genetic improvement of the sow herd.** (2009) Honors College Capstone Experience/Thesis Projects. Western Kentucky University, 2009.
- ALLENDORF, F.; LUIKART, G. **Conservation and the Genetics of Populations.** Blackwell Publishing, Oxford, UK, 2007.

BOICHARD, D. PEDIG: a Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for Large Populations. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), p.19-23, 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, France, 2002.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. 2.ed. Prentice-Hall, Upper Saddle River, New Jersey, 1997.

BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, p.2017-2025, 2004.

BRUCE, A.B. The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor. **Science**, v32, p.627-628, 1910.

BULMER, M.G. The effect of selection on genetic variability. **The American Naturalist**, v.105, n.943, p.201-211, 1971.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; AFFONSO, P.R.A.M. et al. Comparação de metodologias de seleção sob oscilação genética. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.4, p.932-942, 2008.

CHARLESWORTH, B; CHARLESWORTH, D. The genetic basis of inbreeding depression. **Genetical Research**, v.74, p.329-340, 1999.

CHARLESWORTH, D.; CHARLESWORTH, B. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v.18, p.237-268, 1987.

DARWIN, C. **The variation of animals and plants under domestication**. John Murray, London. 1868.

DAVENPORT, C.B. Degeneration, albinism, and inbreeding. **Science**, v.28, p.454-455, 1908.

DO, D.N.; STRATHE, A.B.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds. **Journal of Animal Science**, v.91, p.4069-4079, 2013.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**, 4 ed. Longman, Essex, Reino Unido, 1996.

FAO 2000. **Secondary guidelines for development of farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk**. FAO, Rome, Italy. 2000.

FERNÁNDEZ, J.; MEUWISSEN, T.H.E.; TORO, M.A. et al. Management of genetic diversity in small farm animal populations. **Animal**, v.5 p.1684-1698, 2011.

FILHO, J.P. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação**. Viçosa, 2005, 59p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2005.

FRANKLIN, I.R.; FRANKHAM, R. How large must populations be to retain evolutionary potential? **Animal Conservation**, v.1, p.69-70, 1998.

GANDINI, G.; STELLA, A.; DEL CORVO, M. et al. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. **Journal of Dairy Science**, v.97, p.1790-1798, 2014.

HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER, H.U. Feeding level influences genetic parameters for performance traits in pigs. In: VII World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, p.143-146, 2002, **Anais...** Montpellier, 2002.

HOQUE, M.A.; KADOWAKI, H.; SHIBATA, T. et al. Genetic parameters for measures of feed efficiency of boars and their genetic relationships with its component traits in Duroc pigs. **Journal of Animal Science**, v.85, p.1873-1879, 2007.

KRISTENSEN, T.N.; SORENSEN, A.C. Inbreeding – lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. **Journal of Animal Science**, v.80, p.121-133, 2005.

KRUPA, E.; ZÁKOVÁ, E; KRUPOVÁ, Z. Evaluation of inbreeding and genetic variability of five pig breeds in Czech Republic. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.28, n.1, p.25-36, 2015.

MELKA, M.G.; SCHENKEL, F. Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. **Canadian Journal of Animal Science**, v.90, p.331-340, 2010.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J.A. Effective size of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MISZTAL, I. [2002]. **REMLF90 - Manual**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf> Acesso em 12/10/2012.

NSIF-FS3. 2002. **Genetic parameters and their use in swine breeding**. National Swine Improvement Federation. Disponível em: <http://www.nsif.com> Acesso em 11/05/2009.

ORLANDO, U.; GONÇALVES, M; CAST, W. et al. Genetic improvement and nutrition trends. In: World Nutrition Forum. Vancouver, Canada, p.177-181, 2016, **Anais...**, Vancouver, 2016.

PESSOA, M.C. **Sistema de simulação para avaliar a eficiência da seleção genômica em populações de suínos**. Viçosa, 2015, 45p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2015.

ROTHSCHILD, M.F.; BIDANEL, J.P. Biology and genetics of reproduction. In: **The genetics of the pig**, CAB International, Wallingford, 1998.

TEMPLETON, A.R.; READ, B. Factors eliminating inbreeding depression in a captive herd of Speke's gazelle (*Gazella spekei*). **Zoo Biology**, v.3, p.177-199, 1984.

TEMPLETON, A.R.; READ, B. **Inbreeding: one word, several meanings, much confusion.** In: Conservation genetics (ed. V. Loeschcke, J. Tomiuk and S. K. Jain), p.91-105. Birkhäuser, Basel. 1994.

TRIBOUT, T.; CARITEZ, J.C.; GRUAND, J. et al. Estimation of genetic trends in French Large White pigs from 1977 to 1998 for growth and carcass traits using frozen semen. **Journal of Animal Science**, v.88, p.2856-2867, 2010.

VAN DER WERF, J.H.; DE BOER, I.J. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. **Journal of Animal Science**, v.68, p. 3124-3132, 1990.

WEIGEL, K.A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v.84, p.177-184, 2001.

WELSH, C.S.; STEWART, T.S.; SCHWAB, C. et al. Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. **American Society of Animal Science**, v.88, p.1610-1618, 2010.

WILLOUGHBY, J.R; FERNANDEZ, N.B; LAMB, M.C. et al. The impacts of inbreeding, drift and selection on genetic diversity in captive breeding populations. **Molecular Ecology**, v.24, p.98-110, 2015.

WOOLLIAMS, J.A.; BERG, P.; DAGNACHEW, B. et al. Genetic contributions and their optimization. **Journal of Animal Breeding Genetics**, v.132, p.89-99, 2015.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v.56, p.330-338, 1922.

YAMAKI, M. **Impacto da restrição de dados na avaliação genética animal.** Viçosa, 2009, 57p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Federal de Viçosa, 2009.

ARTIGO II
IMPACTO DAS TAXAS PRODUTIVAS E REPRODUTIVAS EM PROGRAMA DE
MELHORAMENTO GENÉTICO DE SUÍNOS POR MEIO DE SIMULAÇÃO DE
DADOS

Impacto das taxas produtivas e reprodutivas em programa de melhoramento genético de suínos por meio de simulação de dados

Jader Silva Lopes ⁽¹⁾

⁽¹⁾ Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Av. Roraima, nº 1.000, Santa Maria/RS, CEP 97105-700, jadersilvalopes@gmail.com

Resumo – O objetivo deste estudo foi avaliar, através de simulação de dados, o impacto de taxas e perdas produtivas nos níveis de consanguinidade do plantel e no ganho genético. Os dados das populações reais A, composta por suínos da raça Pietrain, e B, por suínos da raça Landrace, utilizados neste estudo, foram provenientes de duas linhagens localizadas em granjas no oeste do estado de Santa Catarina. Para gerar as populações simuladas foi desenvolvido um simulador em linguagem Fortran onde utilizou-se as informações das populações reais: dois arquivos de dados iniciais, um contendo o pedigree dos últimos 10 anos, sendo 21.906 animais na população A e 251.343 animais na população B, e outro contendo os valores genéticos para idade, espessura de toucinho e conversão alimentar, todos ajustados para 110 kg de peso vivo, para ambas as populações, além de profundidade do músculo *longissimus dorsi* ajustada para 110 kg de peso vivo, somente para a população A, e número de leitões vivos ao 5º dia de vida, por parto – somente para a população B, dos animais selecionados em 2014 (Geração 0), além das (co)variâncias dos valores genéticos, as taxas e médias produtivas e reprodutivas, restrições de número de coberturas e número de animais selecionados por geração. Foram simulados três cenários variando a taxa de mortalidade na lactação e taxa de parto. Foram simuladas dez gerações, com 30 repetições cada geração e cenário. Os resultados da simulação de dados em programa de melhoramento genético de suínos permitem concluir que: há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado com o aumento das perdas produtivas e reprodutivas; os incrementos de consanguinidade são maiores em populações de tamanho efetivo menor; as perdas produtivas e reprodutivas reduzem as variâncias dos valores genéticos e, principalmente, as intensidades de seleção, por reduzirem os animais disponíveis à seleção, reduzindo os ganhos genéticos; ações que maximizem as taxas de parição são preponderantes àquelas que minimizem as taxas de mortalidade na lactação, tendo em vista que a redução na taxa de parição simulada, resultou em maiores perdas nos ganhos genéticos.

Termos para indexação: endogamia, ganho genético, taxa de mortalidade, taxa de parição.

Impact of productive and reproductive rates in breeding program of swine through data simulation

Abstract – The objective of this study was to evaluate, through simulation of data, the impact of rates and productive losses on levels of inbreeding and genetic gain. Data from real populations A, composed of Pietrain pigs, and B, by Landrace pigs, used in this study, came from two genetic lines located on farms in the west of the Santa Catarina state. To generate the simulated populations, a Fortran language simulator was used in which the information of the real populations was used: two main input files, one containing the pedigree of the last 10

years, with 21,906 animals in population A and 251,343 animals in population B, And another one containing the estimated breeding values for age, backfat and feed conversion, all adjusted to 110 kg of live weight, for both populations, as well as depth of the *longissimus dorsi* muscle adjusted for 110 kg of live weight - only for population A, and number of live piglets at the 5th day of life, per farrowing, only for population B, of the selected animals in 2014 (Generation 0). In addition to the (co)variances of estimated breeding values, rates and productive and reproductive averages, number of mating and number of animals selected per generation. Three scenarios were simulated varying in the mortality rate in the lactation and farrowing rate. Ten generations were simulated, with 30 repetitions each generation and scenario. The results of the simulation of data in a breeding program of swine allow to conclude that: there is an increase in the levels of consanguinity in a closed nucleus with an increase in productive and reproductive losses; the rate of inbreeding are larger in populations of smaller effective size; the productive and reproductive losses reduce the variances of the estimated breeding values and, mainly, the intensities of selection, by reducing the animals available to the selection, reducing the genetic gains; actions that maximize farrowing rates are preponderant to those that minimize mortality rates in the lactation, since the reduction in simulated farrowing rate has resulted in greater losses in genetic gains.

Index terms: farrowing rate, genetic gain, inbreeding, mortality rate.

Introdução

O diferencial de seleção mede a diferença entre a média dos indivíduos selecionados para pais da próxima geração e a média de toda a população disponível para seleção, e tem grande impacto no ganho genético. Assumindo-se que a população segue a distribuição normal tem-se que o valor do diferencial de seleção depende da relação entre a proporção selecionada e a variação existente na população, sendo denominada intensidade de seleção a relação entre o diferencial de seleção e o desvio-padrão fenotípico.

A intensidade de seleção é um dos principais fatores que impactam no ganho genético, e por sua vez, todas as causas que levam à redução das taxas produtivas, como mortalidades, e reprodutivas, como falhas na parição, de um rebanho, levam à redução nas intensidades de seleção aplicadas.

No tocante às taxas reprodutivas, para Bell et al. (2015), existem inúmeros fatores que influenciam o desempenho de uma fêmea suína, como por exemplo, os efeitos do genótipo, idade da matriz e do cachaço, número de partos, nível de alimentação, época do ano que o acasalamento ocorre, dentre outros.

Diferenças entre raças/linhagens foram relatadas para a idade à puberdade, o tamanho e o peso das leitegadas, o peso à desmama e a sobrevivência do leitão durante a lactação por Gaugler et al. (1984), López e Galíndez (2011) e Young (1995). O número de partos de uma fêmea, ou ordem de parto, influencia o tamanho e o peso das leitegadas ao nascimento e a desmama (FERNÁNDEZ et al., 2008; TUMMARUK et al., 2001).

O suíno doméstico pode se reproduzir durante todo o ano, mas mostra um comportamento reprodutivo sazonal em relação à redução na taxa de parto, ao atraso no início da puberdade, ao maior intervalo desmame-cio e ao tamanho da leitegada menor durante o final do verão e início do outono (PELTONIEMI et al., 2000; PELTONIEMI & OLIVIERO, 2015). As altas temperaturas dificultam a expressão do cio, diminuem a taxa de ovulação e a qualidade do ejaculado, levando a taxas de parto mais baixas e redução no número de leitões por leitegada, relatado sob condições de clima mediterrâneo (DOBAO et al., 1983), tropical (FUENTES et al., 2000), e temperado (LIPENSKÝ et al., 2010).

A maioria das informações relatadas sobre os fatores que influenciam a reprodução em suínos é derivada de estudos com genótipos altamente especializados em sistemas de produção intensiva. Entretanto, Bell et al. (2015), avaliando uma população no Uruguai criada sob sistema de produção ao ar livre, relataram que partos no inverno e na primavera resultaram em leitões mais pesados ao nascimento e ao desmame e a ocorrência de intervalos entre o desmame e o próximo cio maiores nos meses de verão.

No que diz respeito às perdas por mortalidades, que na espécie suína pode atingir altos índices, Abrahão et al. (2004) afirmaram que, considerando o mundo todo, 4% a 10% dos suínos nascidos morrem durante o parto. Estudo realizado por Lisboa (1996) concluiu que a mortalidade na espécie suína pode atingir altos índices (15 a 18%) do nascimento à desmama, sendo que deste total 2,4% a 10% ocorre durante o parto, com altas taxas de mortalidade na primeira semana de vida dos leitões.

A mortalidade durante o crescimento e a terminação também tem grande impacto na lucratividade da atividade suinícola, em especial por se tratar de animais que acumulam todo o custo das fases anteriores. As mortalidades nestas fases podem ter cunho infecciosos e não infecciosos, como a úlcera gástrica e a torção do mesentério (CHRISTIANSON, 2006). De modo geral, a mortalidade no crescimento/terminação, devido a torção do mesentério é de 1 a 2%, cerca de 1/3 do total das mortes nesta fase. Em alguns rebanhos predispostos a torção do mesentério pode causar mortalidade acima de 4% (STRAW et al., 2002).

Considerando que as taxas produtivas e reprodutivas são impactadas, além dos fatores relatados, pela qualidade de mão de obra dos operadores de manejo e pela estrutura das instalações, o conhecimento da magnitude de seus impactos se torna fundamental para o direcionamento de recursos.

Neste trabalho objetivou-se avaliar, através de simulação de dados, o impacto das taxas de partição e de mortalidade sobre os níveis de consanguinidade e ganhos genéticos em um Programa de Melhoramento Genético de Suínos.

Material e Métodos

Os dados das populações reais A, composta por suínos da raça Pietrain, e B, por suínos da raça Landrace, utilizados neste estudo, foram provenientes de duas linhagens localizadas em granjas no oeste do estado de Santa Catarina. O plantel ativo da população A foi composto por 125 fêmeas e 25 machos e o da população B, por 400 fêmeas e 45 machos.

Ao nascimento, os leitões foram submetidos à identificação individual, à pesagem e à aplicação de ferro dextrano e foi realizada a equalização das leitegadas por número e classe de peso em porcas que pariram na mesma semana. Uma segunda equalização foi realizada antes da desmama, que ocorre por volta dos 24 dias de idade dos leitões.

Os animais foram mantidos na fase de creche até a 10^a semana de idade e a partir desta, os machos foram criados em baias individuais, e as fêmeas, em baias coletivas de 12 animais. O peso vivo, a espessura de toucinho e a profundidade de músculo foram medidos na idade em que os animais terminaram o teste de desempenho (aproximadamente 20^a semana de idade) e a conversão alimentar foi mensurada apenas nos machos neste mesmo período.

Para gerar as populações simuladas foi desenvolvido um simulador em linguagem Fortran no qual utilizou-se as informações das populações reais. Foram constituídos dois arquivos de dados iniciais: um contendo o pedigree dos últimos 10 anos, compostos por 21.906 animais na população A e 251.343 animais na população B e outro, contendo os valores genéticos para idade ajustada para 110 kg de peso vivo – ID110, espessura de toucinho ajustada para 110 kg peso vivo – ET110 e conversão alimentar ajustada para 110 kg de peso vivo – CA110 para ambas as populações, além de profundidade do músculo *longissimus dorsi* ajustada para 110 kg de peso vivo – PM110 somente para a população A, e número de leitões vivos ao 5º dia de vida, por parto – LV5 somente para a população B, dos animais selecionados em 2014 (Geração 0 – G0), além das (co)variâncias dos valores genéticos, as taxas e médias produtivas e reprodutivas, restrições de número de coberturas e número de animais selecionados por geração (ANEXO A – Exemplo de cartão de parâmetros para o simulador).

As estimativas dos componentes de (co)variância das populações reais foram obtidas pelo programa REMLF90 (MISZTAL, 2002) que utiliza a maximização da esperança da função de máxima verossimilhança restrita (EMREML). O critério de convergência utilizado, definido pelo quadrado médio das diferenças entre soluções consecutivas, foi de 1×10^{-11} . As herdabilidades e os valores genéticos preditos foram obtidos a partir destes componentes de

variância, utilizando o modelo animal multicaracterística para ID110, ET110, CA110 e PM110 ou unicaracterística para LV5.

O modelo utilizado para as análises multicaracterísticas envolvendo as populações reais foi: $y = X\beta + Z\mu + e$; em que: y = vetor das observações; β = vetor de efeitos fixos de grupo de contemporâneos – GC (animais nascidos na mesma linhagem, sexo, núcleo de produção, e mesmo ano e semana de fim de teste de desempenho); μ = vetor de efeitos genéticos aleatórios aditivos diretos; e = vetor de efeitos aleatórios residuais; X e Z são as matrizes de incidência respectivas para cada efeito. Já para as análises unicaracterísticas foi: $y = X\beta + Z_1\mu + Z_2pe + e$; em que: y = vetor das observações; β = vetor de efeitos fixos de grupo de contemporâneos – GC (animais nascidos na mesma linhagem, sexo, núcleo de produção, e mesmo ano e semana de parto) e de ordem de parto (de um a cinco partos); μ = vetor de efeitos genéticos aleatórios aditivos diretos; pe = vetor de efeitos genéticos aleatórios de ambiente permanente; e = vetor de efeitos aleatórios residuais; X , Z_1 e Z_2 são as matrizes de incidência respectivas para cada efeito.

A partir dos animais selecionados da G0, o simulador aplicou perdas pós-seleção e acasalou aleatoriamente, dentro das restrições impostas, por meio de uma distribuição uniforme $U \sim (0,1)$, os machos com as fêmeas, restringindo o número de coberturas por animal, o parentesco entre os casais, o número de partos/fêmea e a taxa de partição. Os coeficientes de parentesco entre os animais utilizados nas restrições de acasalamentos foram calculados utilizando o programa par3.f (BOICHARD, 2002). De cada acasalamento bem-sucedido, calculou-se o número de leitões em fim de teste de desempenho por parto (NFT) na geração 1 – G1, considerando dados como número de leitões nascidos, taxas de mortalidade nas fases de partição, maternidade, creche e teste de desempenho, além de outras perdas. Com base nas populações reais, calculou-se a média (MEDNFT) e o desvio-padrão (DPFT) do NFT, os quais foram utilizados para calcular o NFT de cada acasalamento bem-sucedido, como: $NFT = MEDNFT + z * DPFT$, sendo z um valor aleatório obtido de uma distribuição normal padronizada – $N \sim (0,1)$.

De acordo com Van der Werf e De Boer (1990), o valor genético de cada animal é calculado como: $a_i = \frac{1}{2}a_{s_i} + \frac{1}{2}a_{d_i} + \phi_i$, onde a_{s_i} e a_{d_i} correspondem aos valores genéticos do pai e da mãe para a característica i , respectivamente, e ϕ_i resulta da segregação mendeliana, que é independente dos a_{s_i} e a_{d_i} (BULMER, 1971). A variância de ϕ_i pode ser descrita como:

$\phi_i = \frac{1}{2} \left[1 - \frac{1}{2} (F_s + F_d) \right] \sigma_a^2$, onde F_s e F_d correspondem aos coeficientes de consanguinidade do pai e da mãe, respectivamente.

Na simulação em questão, o componente da variância utilizado foi a matriz de (co)variâncias dos valores genéticos das quatro características (G_a) obtido de cada população real, de forma que o valor genético aditivo (a_i) de cada animal da próxima geração foi gerado como:

$$a_i = \frac{1}{2} a_{s_i} + \frac{1}{2} a_{d_i} + z \sqrt{\frac{1}{2} \left[1 - \frac{1}{2} (F_s + F_d) \right] G_a}$$

onde z representa um valor aleatório obtido de uma distribuição normal padronizada – $N \sim (0,1)$.

Após a geração dos valores a_i dos animais em fim de teste de desempenho da G1, os animais foram classificados a partir de um índice de seleção que agrupou as quatro características (ID110, ET110, CA110 e PM110 ou LV5) e aplicou-se uma taxa de perdas aleatórias na seleção. Em seguida, um número fixo de animais foi selecionado (o equivalente a aproximadamente 140% de reposição anual para as fêmeas e 200% para os machos), considerando restrições de irmãos completos e meios-irmãos, para machos e fêmeas. Com o conhecimento dos animais selecionados na G1, todo o processo se repetiu, até o número de dez gerações, definido no cartão de parâmetros.

Foram simulados três cenários: a partir das médias das populações reais, foi simulado o cenário 1, no cenário 2 simulou-se o impacto do incremento de cinco pontos percentuais na taxa de mortalidade na lactação e no cenário 3 simulou-se o impacto do incremento de cinco pontos percentuais na taxa de parição, conforme quadro abaixo.

Quadro 1 – Taxas de parição e de mortalidade na lactação, em percentual, de acordo com a população para cada cenário simulado

Cenário	População A		População B	
	Taxa de Parição	Taxa de Mortalidade na Lactação	Taxa de Parição	Taxa de Mortalidade na Lactação
Cenário 1	88	5,8	91	6,9
Cenário 2	88	10,8	91	11,9
Cenário 3	83	5,8	86	6,9

De acordo com Carneiro et al. (2008), em processos de simulação com apenas uma repetição, a oscilação genética influencia o ganho genético, principalmente em populações com pequeno tamanho efetivo, comprometendo a comparação de metodologias de avaliação genética. A utilização de 30 repetições do processo de simulação permite obter resultados consistentes em estudos comparativos de metodologias de avaliação genética utilizando simulação. Desta forma, para cada cenário simulado, foram utilizadas 30 repetições por geração.

A eficiência de cada cenário foi estimada considerando o controle dos incrementos na consanguinidade média dos plantéis, calculados da seguinte forma: $\Delta F_t = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$; onde t é o número da geração, F_t é a média do coeficiente de consanguinidade da geração t (WRIGHT, 1922), além dos ganhos genéticos por geração, para cada característica, sendo $GG_t = VGFT_t - VGFT_{t-1}$, onde t é o número da geração, GG_t representa o ganho genético na geração t e $VGFT_t$ a média dos valores dos animais em fim de teste na geração t .

Resultados e Discussão

As taxas de parição para a população A e B foram, respectivamente, de 88% e 91%, encontrando-se dentro dos limites aceitáveis para intervenção relatados por Silveira e Amaral (2009), assim como as taxas de mortalidade na lactação, que foram de 5,8% para a população A e 6,9% para a população B. Estas taxas de parição e mortalidade deram origem ao cenário 1. Van Rensburg e Spencer (2014) observaram taxas de parição semelhantes para rebanhos comerciais da África do Sul, que variaram de 88,3% a 91,1%. Taxas de parição levemente inferiores foram relatados por Sevillano et al. (2016) para rebanhos da raça Large White criados em 14 países do hemisfério norte (média de 87%). No Japão, Kaneko et al. (2013) avaliando 115 rebanhos comerciais encontrou média de taxa de parição de 85,5%. Caramori Júnior et al. (2010) encontraram taxas de mortalidade na lactação de uma granja no centro-oeste do Brasil levemente superiores às relatadas neste estudo (7,4%). Sesti e Sobestiansky (1998) sugeriram, como parâmetro de produtividade para os sistemas de produção de suínos modernos com alta tecnologia, taxa de mortalidade no pré-desmame de, no máximo, 6%. Adicionalmente, avaliando uma população no Uruguai criada sob sistema de produção ao ar livre, Bell et al. (2015) relataram mortalidades entre o nascimento e a desmama de 12%.

As maiores perdas simuladas nos cenários 2 e 3, impactaram em aumento dos níveis de consanguinidade até a 10ª geração em ambas as populações (Tabela 1). Para a população A, o aumento foi de 1,7% e 3,6% para os cenários 2 e 3, respectivamente, quando comparados com o cenário 1, já para a população B, o aumento foi de 2,1% e 4,2% para os cenários 2 e 3,

respectivamente, quando comparados com o cenário 1. Os incrementos de consanguinidade (ΔFa) também foram maiores para os cenários 2 e 3 quando comparados com os cenários 1, em ambas populações (Tabela 2). Na média das gerações, para a população A, o cenário 1 produziu ΔFa igual a 0,0054, o cenário 2 igual a 0,0056 e o cenário 3 igual a 0,0058. Já para a população B, os valores foram de 0,0051, 0,0053 e 0,0054, para os cenários 1, 2 e 3, respectivamente. Estes valores estão de acordo com os parâmetros indicados pela FAO (2000), que indica que o ΔFa não deve exceder 0,01.

Neste sentido, Meuwissen e Woolliams (1994) recomendaram $\Delta Fa < 1\%$ no intuito de manter controladas as mutações deletérias. Estes autores descreveram o tamanho efetivo das populações (N_e) como um dos principais fatores que influenciam os ΔFa e sugeriram N_e igual ou maior a 50 para a manutenção de $\Delta Fa < 1\%$. Desta forma, os incrementos levemente maiores observados na população A comparados à população B podem estar relacionados com seu menor tamanho efetivo, já que o N_e da população A foi de 83 e o da população B, 162. Outros autores também sugeriram que N_e igual ou maior que 50 é suficiente para controlar a depressão endogâmica no curto prazo (KRISTENSEN & SORENSEN, 2005). Por outro lado, Franklin e Frankham (1998) relataram que para manutenção de variância genética no longo prazo é necessário $N_e > 500$.

Incrementos de consanguinidade menores que os observados neste estudo foram relatados por Krupa et al. (2015) avaliando populações de suínos na República Tcheca com N_e variando de 29 a 225, com valores variando de 0,0017 a 0,0056, assim como por Gandini et al. (2014), que encontraram ΔFa igual a 0,003, para uma população simulada com N_e igual a 120. Por outro lado, Filho (2005), o qual simulou alguns cenários que contemplavam diferentes tipos de acasalamentos, encontrou incremento de consanguinidade de 0,005 para população com $N_e = 120$, semelhante aos valores encontrados no presente estudo. Apesar de o N_e da população ser um dos aspectos que mais tem influência sobre a endogamia, sendo que em populações maiores os incrementos de endogamia são menores, a principal restrição para a utilização de tamanhos populacionais maiores é o custo elevado de manutenção da população.

Menor tamanho efetivo (N_e) da população poderá ser aceitável com a inclusão das características de adaptação nos critérios de seleção, assim, a seleção contra alelos deletérios será mais efetiva (KRISTENSEN & SORENSEN, 2005). Adicionalmente, maiores taxas de ΔFa estão relacionadas com redução da capacidade adaptativa das populações, e este trabalho demonstrou que isto se torna um ciclo vicioso, pois as perdas adaptativas (aumento das mortalidades e redução das parições) acabam retornando maiores ΔFa .

Tabela 1 – Nível de endogamia a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B

Geração	População A			População B		
	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3
0	0,0399	0,0399	0,0399	0,0235	0,0235	0,0235
1	0,0434	0,0456	0,0482	0,0280	0,0302	0,0318
2	0,0509	0,0534	0,0545	0,0325	0,0370	0,0374
3	0,0566	0,0573	0,0606	0,0402	0,0409	0,0432
4	0,0610	0,0624	0,0641	0,0446	0,0460	0,0477
5	0,0673	0,0662	0,0673	0,0499	0,0498	0,0509
6	0,0701	0,0725	0,0723	0,0537	0,0561	0,0569
7	0,0744	0,0781	0,0773	0,0580	0,0607	0,0609
8	0,0804	0,0818	0,0829	0,0630	0,0654	0,0665
9	0,0854	0,0854	0,0878	0,0680	0,0690	0,0714
10	0,0906	0,0922	0,0939	0,0722	0,0738	0,0753
Média	0,0655	0,0668	0,0681	0,0485	0,0502	0,0514

Tabela 2 – Incremento de endogamia a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B

Geração	População A			População B		
	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3
1	0,0036	0,0059	0,0086	0,0046	0,0068	0,0084
2	0,0078	0,0082	0,0066	0,0046	0,0071	0,0058
3	0,0060	0,0040	0,0064	0,0080	0,0040	0,0060
4	0,0047	0,0054	0,0037	0,0046	0,0053	0,0047
5	0,0067	0,0041	0,0034	0,0055	0,0040	0,0033
6	0,0030	0,0068	0,0054	0,0040	0,0067	0,0064
7	0,0046	0,0060	0,0053	0,0045	0,0049	0,0042
8	0,0065	0,0040	0,0061	0,0053	0,0050	0,0060
9	0,0054	0,0039	0,0053	0,0053	0,0039	0,0052
10	0,0058	0,0074	0,0067	0,0046	0,0051	0,0042
Média	0,0054	0,0056	0,0058	0,0051	0,0053	0,0054

Um dos principais prejuízos dos incrementos na consanguinidade é a redução da variância genética, reduzindo os ganhos genéticos potenciais das populações (KRISTENSEN & SORENSEN, 2005; WILLOUGHBY et al., 2015). No presente estudo, a variância dos valores genéticos para conversão alimentar ajustada para 110 Kg ($\sigma^2_{VGCA110}$) reduziu, em

média, 2,89% até a 10^a geração (G_{10}), para a população A, que tem a CA110 como a principal característica do índice de seleção. Assim como para a população B, que tem o número de leitões vivos ao 5^o dia de idade, por parto (LV5), como a principal característica no índice de seleção, a variância dos valores genéticos para LV5 (σ^2_{VGLV5}) reduziu, em média, 2,79% até a 10^a geração (G_{10}). Redução na velocidade da perda de diversidade genética pode ser alcançada pela estabilização do tamanho populacional (WILLOUGHBY et al., 2015) e sucesso reprodutivo (FRANKHAM et al. 2006; WILLOUGHBY et al., 2015).

A variância das características é um dos elementos que afetam o ganho genético, principal indicador do sucesso de um programa de melhoramento. Os ganhos genéticos para CA110 foram, na média dos cenários, -0,074 Kg/Kg e -0,035 Kg/Kg, respectivamente para as populações A e B (Tabela 3). Tais ganhos são superiores aqueles descritos por Tribout et al. (2010) para uma população de suínos da raça Large White na França (-0,300 Kg/Kg de 1977 a 1998), por Do et al. (2013) para as populações de suínos das raças Landrace (cerca de -0,027 Kg/Kg a cada ano) e Large White (cerca de -0,030 Kg/Kg a cada ano) na Dinamarca, e por Orlando et al. (2016) para suínos da genética PIC no estrato comercial (-0,020 Kg/Kg na média dos últimos três anos). Na comparação dos cenários, na média das dez gerações, o cenário 2 obteve ganhos genéticos para CA110 1,1% e 1,5% piores que o cenário 1 e o cenário 3 obteve ganhos 1,6% e 2,4% piores que o cenário 1, respectivamente para as populações A e B.

O principal fator que levou à menores ganhos genéticos nos cenários 2 e 3 foi a redução nas intensidades de seleção praticadas nestes cenários quando comparados com o cenário 1. Inicialmente, as intensidades de seleção de machos (i_m) foram programadas para estarem próximas à 1,97 e 2,20, para as populações A e B, respectivamente, e as intensidades de seleção de fêmeas (i_f) para estarem próximas à 1,40 e 1,55, para as populações A e B, respectivamente. Entretanto, com as maiores perdas simuladas nos cenários 2 e 3, as i_m foram, na média das dez gerações, 1,1% e 1,3% menores que no cenário 1, respectivamente, para a população A, e 1,0% menores que no cenário 1, em ambos cenários, para a população B. Para as i_f , nos cenários 2 e 3 foram, na média das dez gerações, 1,9% e 2,3% menores que no cenário 1, respectivamente, para a população A, e 1,7% e 1,8% menores que no cenário 1, respectivamente, para a população B. Isto se deu pois as maiores perdas simuladas levaram a menor disponibilidade de animais para seleção, com a manutenção do número de animais a serem selecionados.

Bourdon (1997) relatou que a intensidade de seleção é determinada pelo número de animais selecionados para reposição em relação ao número de animais aptos à seleção. Alta

intensidade de seleção é obtida quando um pequeno grupo de animais é selecionado para reposição dentro de um grande grupo disponível, o que pode ser alcançado reduzindo-se o número de animais selecionados com o mesmo número de animais disponíveis, ou aumentando-se o número de disponíveis com manutenção do número de selecionados. Altas intensidades de seleção permitem a seleção de animais acima da média, enquanto baixas intensidades levam a seleção de animais abaixo ou próximos à média.

Tabela 3 – Ganho genético para conversão alimentar ajustada para 110 Kg de peso vivo a cada geração de simulação, de acordo com os cenários simulados, para as populações A e B

Geração	População A			População B		
	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3	Cenário 1	Cenário 2	Cenário 3
1	-0,0765	-0,0776	-0,0779	-0,0351	-0,0346	-0,0335
2	-0,0742	-0,0726	-0,0727	-0,0367	-0,0354	-0,0354
3	-0,0736	-0,0714	-0,0708	-0,0357	-0,0348	-0,0354
4	-0,0752	-0,0740	-0,0729	-0,0345	-0,0346	-0,0339
5	-0,0742	-0,0742	-0,0724	-0,0355	-0,0347	-0,0345
6	-0,0727	-0,0737	-0,0734	-0,0350	-0,0345	-0,0350
7	-0,0759	-0,0737	-0,0739	-0,0356	-0,0350	-0,0340
8	-0,0752	-0,0738	-0,0731	-0,0357	-0,0347	-0,0343
9	-0,0746	-0,0740	-0,0744	-0,0353	-0,0349	-0,0347
10	-0,0757	-0,0747	-0,0747	-0,0354	-0,0357	-0,0343
Média	-0,0748	-0,0740	-0,0736	-0,0354	-0,0349	-0,0345

O ganho genético é afetado pela acurácia das características em seleção e pelo intervalo de gerações, além da variância da característica e da intensidade de seleção (BOURDON, 1997; ABELL, 2009). Há uma correlação positiva entre ganho genético e cada um destes componentes, com exceção do intervalo de gerações. A acurácia tem grande impacto da herdabilidade das características em seleção. A herdabilidade retrata a proporção da variância fenotípica total associada à variância genética. Um incremento na herdabilidade denota que a característica é menos influenciada por fatores ambientais. No presente estudo, a herdabilidade para a característica reprodutiva – LV5, selecionada somente na população B, foi de 0,11 e para idade para atingir 110 Kg de peso vivo – ID110 foram de 0,47 e 0,49 para as populações A e B, respectivamente. Rothschild e Bidanel (1998) e NSIF (2002) relataram herdabilidades de 0,09 e 0,10, respectivamente, para a característica reprodutiva número de leitões nascidos vivos, valores semelhantes aquele relatado neste estudo para LV5. NSIF

(2002) observou herdabilidade de 0,30 para dias para atingir 250 libras de peso vivo (113,4 Kg), menor que os valores encontrados neste estudo para ID110.

Além de o cenário 3 ter apresentado maiores perdas nos ganhos genéticos para CA110, os cinco pontos percentuais a menos na taxa de parição simulados neste cenário equivalem a 0,4 desvio-padrão da variação semanal durante o ano de 2014, enquanto que os cinco pontos percentuais a menos na taxa de mortalidade na lactação simulados no cenário 2 equivalem a 1,1 desvio-padrão da variação semanal, corroborando que mesmo a menor variação do cenário 3 resultou em maiores perdas no ganho genético.

Conclusões

Os resultados da simulação de dados em programa de melhoramento genético de suínos permitem concluir que: há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado com o aumento das perdas produtivas e reprodutivas; os incrementos de consanguinidade são maiores em populações de tamanho efetivo menor; as perdas produtivas e reprodutivas reduzem as variâncias dos valores genéticos e, principalmente, as intensidades de seleção, por reduzirem a quantidade de animais disponíveis à seleção, reduzindo os ganhos genéticos; ações que maximizem as taxas de parição são preponderantes àquelas que minimizem as taxas de mortalidade na lactação, tendo em vista que a redução na taxa de parição simulada no cenário 3, resultou em maiores perdas nos ganhos genéticos e incrementos de consanguinidade levemente superiores quando comparados aos demais cenários.

Agradecimentos

À empresa BRF S/A e seu Programa de Melhoramento Genético de Suínos, pela concessão do banco de dados e viabilidade da execução do presente estudo. Ao Laboratório de Melhoramento Animal da UFSM, representando o Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da UFSM, pela oportunidade de realização do doutoramento. Especialmente, ao pesquisador Marcelo Silva de Freitas, pelo desenvolvimento do simulador utilizado neste trabalho.

Referências

ABELL, C.E. **The effect of breeding herd parity structure on genetic improvement of the sow herd.** (2009) Honors College Capstone Experience/Thesis Projects. Western Kentucky University, 2009.

ABRAHÃO, A.A.F.; VIANA, W.L.; CARVALHO, L.F.O.S. et al. Causas de mortalidade de leitões neonatos em sistema intensivo de produção de suínos. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, n.41, p.86-91, 2004.

BELL, W.; URIOSTE, J.; BARLOCCO, N. et al. Genetic and environmental factors affecting reproductive traits in sows in an outdoor production system. **Livestock Science**, v.182, p.101-107, 2015.

BOICHARD, D. PEDIG: a Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for Large Populations. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), p.19-23, 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, France, 2002.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. 2.ed. Prentice-Hall, Upper Saddle River, New Jersey, 1997.

BULMER, M.G. The effect of selection on genetic variability. **The American Naturalist**, v.105, n.943, p.201-211, 1971.

CARAMORI JÚNIOR, J.G.; ARAÚJO, G.M.; VIEITES, F.M. et al. Causas de mortalidade em leitões em granja comercial do médio-norte de Mato Grosso. **Revista Brasileira de Ciências Veterinárias**, v.17, n.1, p.12-15, 2010.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; AFFONSO, P.R.A.M. et al. Comparação de metodologias de seleção sob oscilação genética. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.4, p.932-942, 2008.

CHRISTIANSON, W.T. The paradox of increasing mortality and health expenditures (Hanson Lecture). In: **Allen D. Lemman Swine Conference** (Sant Paul, EUA), p.23-32, 2006.

DO, D.N.; STRATHE, A.B.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds. **Journal of Animal Science**, v.91, p.4069-4079, 2013.

DOBAO, M.T.; RODRIGÁÑEZ, J.; SILIÓ, L. Seasonal influence on fecundity and litter performance characteristics in Iberian pigs. **Livestock Production Science**, v.10, n.6, p.601-610, 1983.

FAO 2000. **Secondary guidelines for development of farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk**. FAO, Rome, Italy. 2000.

FERNÁNDEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; ZUZÚARREGUI, J. et al. Genetic parameters for litter size and weight at different parities in Iberian pigs. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v.6 (Special issue), p.98-106, 2008.

FILHO, J.P. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação**. Viçosa, 2005, 59p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2005.

FRANKHAM, R.; MANNING, H.; MARGAN, S.H. et al. Does equalization of family sizes reduce genetic adaptation to captivity? **Animal Conservation**, v.3, p.357-363, 2006.

FRANKLIN, I.R.; FRANKHAM, R. How large must populations be to retain evolutionary potential? **Animal Conservation**, v.1, p.69-70, 1998.

FUENTES, A.; ARGENTI, P.; CHANG, A. et al. Efecto de la época y número de lechones al destete sobre la respuesta reproductiva en cerdas. **Zootecnia Tropical**, v.18, n.3, p.313-322, 2000.

GANDINI, G.; STELLA, A.; DEL CORVO, M. et al. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. **Journal of Dairy Science**, v.97, p.1790-1798, 2014.

GAUGLER, H.R.; BUCHANAN, D.S.; HINTZ, R.L. et al. Sow productivity comparisons for four breed of swine: purebred and crossbred litters. **Journal of Animal Science**, v.59, n.4, p.941-947, 1984.

KANEKO, M.; LIDA, R.; KOKETSU, Y. Herd management procedures and factors associated with low farrowing rate of female pigs in Japanese commercial herds. **Preventive Veterinary Medicine**, v.109, p.69-75, 2013.

KRISTENSEN, T.N.; SORENSEN, A.C. Inbreeding – lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. **Journal of Animal Science**, v.80, p.121-133, 2005.

KRUPA, E.; ZÁKOVÁ, E; KRUPOVÁ, Z. Evaluation of inbreeding and genetic variability of five pig breeds in Czech Republic. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.28, n.1, p.25-36, 2015.

LIPENSKÝ, J.; LUSTYKOVÁ, A., ČEŘOVKÝ, J. Effect of season on boar sperm morphology. **Journal of Central European Agriculture**, v.11, n.4, p.465-468, 2010.

LISBOA, M.N.T.S. Patologia e controle de natimortos. **Suínocultura Industrial**, v.10, n.125, p.18-24, 1996.

LÓPEZ, N.; GALÍNDEZ, R. Evaluación de la productividad acumulada al destete en cerdas Large White, Landrace y Cruzadas en una granja comercial. **Zootecnia Tropical**, v.29, n.4, p.445-453, 2011.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J.A. Effective size of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MISZTAL, I. [2002]. **REMLF90 - Manual**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf> Acesso em 12/10/2012.

NSIF-FS3. 2002. **Genetic parameters and their use in swine breeding**. National Swine Improvement Federation. Disponível em: <http://www.nsif.com> Acesso em 11/05/2009.

ORLANDO, U.; GONÇALVES, M; CAST, W. et al. Genetic improvement and nutrition trends. In: World Nutrition Forum. Vancouver, Canada, p.177-181, 2016, **Anais....**, Vancouver, 2016.

PELTONIEMI, O.A.T.; OLIVIERO, C. **The gestating and lactating sow**. Wageningen Academic Publishers, p.231-252, 2015.

PELTONIEMI, O.A.T.; TAST, A.; LOVE, R.J. Factors effecting reproduction in the pig: seasonal effects and restricted feeding of the pregnant gilt and sow. **Animal Reproduction Science**, v.60, p.173-184, 2000.

ROTHSCHILD, M.F.; BIDANEL, J.P. Biology and genetics of reproduction. In: **The genetics of the pig**, CAB International, Wallingford, 1998.

SESTI, L.A.C.; SOBESTIANSKY, J. Aspecto da Produtividade. In: SOBESTIANSKY, J.; WENTZ, I.; SILVEIRA, P.R.S.; SESTI, L.A.C. **Suinocultura intensiva: produção, manejo e saúde do rebanho**. Concórdia: Embrapa-CNPISA, 1998, p.29-43.

SEVILLANO, C.A.; MULDER, H.A.; RASHIDI, H. et al. Genetic variation for farrowing rate in pigs in response to change in photoperiod and ambient temperature. **Journal of Animal Science**, v.94, p.3185-3197, 2016.

SILVEIRA, P.R.S.; AMARAL, A. Análise dos fatores mais comuns relacionados com falhas reprodutivas em modernos rebanhos suínos. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, n.6, p.187-193, 2009.

STRAW, B.; DEWEY, C.; KOBER, J. et al. Factors associated with death due to hemorrhagic bowel syndrome in two large commercial swine farms. **Journal of Swine Health and Production**, v.10, p.75-79, 2002.

TRIBOUT, T.; CARITEZ, J.C.; GRUAND, J. et al. Estimation of genetic trends in French Large White pigs from 1977 to 1998 for growth and carcass traits using frozen semen. **Journal of Animal Science**, v.88, p.2856-2867, 2010.

TUMMARUK, P.; LUNDEHEIM, N.; EINARSSON, S. et al. Effect of birth litter size, birth parity number, growth rate, back fat thickness and age at first mating of gilts on their reproductive performance as sows. **Animal Reproduction Science**, v.66, p.225-237, 2001.

VAN DER WERF, J.H.; DE BOER, I.J. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. **Journal of Animal Science**, v.68, p. 3124-3132, 1990.

VAN RENSBURG, L.J.; SPENCER, B.T. The influence of environmental temperatures on farrowing rates and litter sizes in South African pig breeding units. **Onderstepoort Journal of Veterinary Research**, v.81, n.1, art. n° 824, 7p., 2014.

WILLOUGHBY, J.R; FERNANDEZ, N.B; LAMB, M.C. et al. The impacts of inbreeding, drift and selection on genetic diversity in captive breeding populations. **Molecular Ecology**, v.24, p.98-110, 2015.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v.56, p.330-338, 1922.

YOUNG, L.D. Reproduction of F1 Meishan, Fengjing, Minzhu and Duroc gilts and sows.
Journal of Animal Science, v.73, p.711-721, 1995.

3 CONCLUSÕES

Os resultados da simulação de dados em programa de melhoramento genético de suínos permitem concluir que:

1) Há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado independente da estratégia utilizada;

2) Os incrementos de consanguinidade são maiores em populações de tamanho efetivo menor;

3) Restrições no número de irmãos completos e meios-irmãos selecionados são eficientes para reduzir os incrementos de consanguinidade, sendo que a restrição de, no máximo, dois irmãos-completos e três meios-irmãos, para machos, e três irmãs-completas, para fêmeas, por ter obtido os maiores ganhos genéticos e incrementos de consanguinidade dentro de limites aceitáveis, é indicado como estratégia de seleção a ser adotada nestas populações;

4) Há incremento dos níveis de consanguinidade em núcleo de produção fechado com o aumento das perdas produtivas e reprodutivas;

5) As perdas produtivas e reprodutivas reduzem as variâncias dos valores genéticos e, principalmente, as intensidades de seleção, por reduzirem a quantidade de animais disponíveis à seleção, reduzindo os ganhos genéticos;

6) Ações que maximizem as taxas de parição são preponderantes àquelas que minimizem as taxas de mortalidade na lactação, tendo em vista que a redução na taxa de parição simulada, resultou em maiores perdas nos ganhos genéticos e incrementos de consanguinidade levemente superiores.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABPA – Associação Brasileira de Proteína Animal. **Relatório Anual 2016**. São Paulo/SP, 2016.

ABELL, C.E. **The effect of breeding herd parity structure on genetic improvement of the sow herd**. (2009) Honors College Capstone Experience/Thesis Projects. Western Kentucky University, 2009.

ABRAHÃO, A.A.F.; VIANA, W.L.; CARVALHO, L.F.O.S. et al. Causas de mortalidade de leitões neonatos em sistema intensivo de produção de suínos. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, n.41, p.86-91, 2004.

ALBUQUERQUE, L.G. [2003] **Princípios de seleção em gado de corte**. <http://www2.ufersa.edu.br/portal/view/uploads/setores/183/arquivos/PRINC%C3%8DPIOS%20DE%20SELE%C3%87%C3%83O.pdf>. Acesso em 01/10/2012.

ALLENDORF, F.; LUIKART, G. **Conservation and the Genetics of Populations**. Blackwell Publishing, Oxford, UK, 2007.

ASSIS, G.M.L.; CARNEIRO JR., J.M.; EUCLYDES, R.F. et al. Estimação de componentes de variância sob influência de genes de efeito principal, comparando-se metodologias Bayesiana e clássica sob diferentes cenários. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.36, n.5, p.1266-1274, 2007.

BELL, W.; URIOSTE, J.; BARLOCCO, N. et al. Genetic and environmental factors affecting reproductive traits in sows in an outdoor production system. **Livestock Science**, v.182, p.101-107, 2015.

BOICHARD, D. PEDIG: a Fortran Package for Pedigree Analysis Suited for Large Populations. In: 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP), p.19-23, 2002, Montpellier, France. **Proceedings...** Montpellier, France, 2002.

BORTOLETTO, C.; FERREIRA, G.F.; GASSER, B. et al. Principais causas de problemas reprodutivos em porcas. **Revista Científica de Medicina Veterinária**. v.12, n.23, 2014.

BOURDON, R.M. **Understanding animal breeding**. 2.ed. Prentice-Hall, Upper Saddle River, New Jersey, 1997.

BREDA, F.C.; EUCLYDES, R.F.; PEREIRA, C.S. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.33, p.2017-2025, 2004.

BRUCE, A.B. The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor. **Science**, v32, p.627-628, 1910.

BULMER, M.G. The effect of selection on genetic variability. **The American Naturalist**, v.105, n.943, p.201-211, 1971.

CARAMORI JÚNIOR, J.G.; ARAÚJO, G.M.; VIEITES, F.M. et al. Causas de mortalidade em leitões em granja comercial do médio-norte de Mato Grosso. **Revista Brasileira de Ciências Veterinárias**, v.17, n.1, p.12-15, 2010.

CARNEIRO, P.L.S.; MALHADO, C.H.M.; AFFONSO, P.R.A.M. et al. Comparação de metodologias de seleção sob oscilação genética. **Arquivos Brasileiros de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.4, p.932-942, 2008.

CARVALHEIRO, R.; FRIES, L.A.; SCHENKEL, F.S. et al. Efeitos da Heterogeneidade de Variância Residual entre Grupos de Contemporâneos na Avaliação Genética de Bovinos de Corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1680-1688, 2002.

CHARLESWORTH, B; CHARLESWORTH, D. The genetic basis of inbreeding depression. **Genetical Research**, v.74, p.329-340, 1999.

CHARLESWORTH, D.; CHARLESWORTH, B. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v.18, p.237-268, 1987.

CHRISTIANSON, W.T. The paradox of increasing mortality and health expenditures (Hanson Lecture). In: **Allen D. Lemam Swine Conference** (Sant Paul, EUA). p.23-32, 2006.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. Efeito de tipos de acasalamentos e razões sexuais na seleção baseada no BLUP. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v.32, p.1297-1303, 2003.

CUNHA, E.E.; EUCLYDES, R.F.; TORRES, R.A. et al. Simulação de dados para avaliação genética de rebanhos de gado de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.58, n.3, p.381-387, 2006.

CUTTLE, R.S. **Preweaning mortality**. In: STRAW, B.E.; D'ALLAIRE, S.; MENGELING, .L.; TAYLOR, D.J. Diseases of swine. 8.ed. Oxford: Blackwell Science, p.985-1001, 1999.

DARWIN, C. **The variation of animals and plants under domestication**. John Murray, London. 1868.

DAVENPORT, C.B. Degeneration, albinism, and inbreeding. **Science**, v.28, p.454-455, 1908.

DIAL, G.D.; MARSH, W.E.; POLSON, D.D. et al. **Reproductive failure: differential diagnosis**. Diseases of swine. 7 ed. Iowa. The Iowa State University Press. Cap.6, p.88-137, 1992.

DO, D.N.; STRATHE, A.B.; JENSEN, J. et al. Genetic parameters for different measures of feed efficiency and related traits in boars of three pig breeds. **Journal of Animal Science**, v.91, p.4069-4079, 2013.

DOBAO, M.T.; RODRIGAÑEZ, J.; SILIÓ, L. Seasonal influence on fecundity and litter performance characteristics in Iberian pigs. **Livestock Production Science**, v.10, n.6, p.601-610, 1983.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**, 4 ed. Longman, Essex, Reino Unido, 1996.

FAO 2000. **Secondary guidelines for development of farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk**. FAO, Rome, Italy. 2000.

FARAH, M.M. **Avaliação das metodologias de simulação genética**. Diamantina, 2010, 27p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, 2010.

FERNÁNDEZ, A.; RODRIGÁÑEZ, J.; ZUZÚARREGUI, J. et al. Genetic parameters for litter size and weight at different parities in Iberian pigs. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v.6 (Special issue), p.98-106, 2008.

FERNÁNDEZ, J.; MEUWISSEN, T.H.E.; TORO, M.A. et al. Management of genetic diversity in small farm animal populations. **Animal**, v.5 p.1684-1698, 2011.

FILHA, W.S.A.; COSTA, M.S.; BERNARDI, M.L. et al. Causas não infecciosas de abortamentos em suínos. In: I Simpósio UFRGS sobre produção, reprodução e sanidade suína. Porto Alegre/RS, p. 228-233, 2006, **Anais...**, Porto Alegre, 2006.

FILHO, J.P. **Efeito do tamanho efetivo e de sistemas de acasalamento no incremento de endogamia em populações sob seleção, utilizando-se simulação**. Viçosa, 2005, 59p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2005.

FRANKHAM, R.; MANNING, H.; MARGAN, S.H. et al. Does equalization of family sizes reduce genetic adaptation to captivity? **Animal Conservation**, v.3, p.357-363, 2006.

FRANKLIN, I.R.; FRANKHAM, R. How large must populations be to retain evolutionary potential? **Animal Conservation**, v.1, p.69-70, 1998.

FUENTES, A.; ARGENTI, P.; CHANG, A. et al. Efecto de la época y número de lechones al destete sobre la respuesta reproductiva en cerdas. **Zootecnia Tropical**, v.18, n.3, p.313-322, 2000.

GANDINI, G.; STELLA, A.; DEL CORVO, M. et al. Selection with inbreeding control in simulated young bull schemes for local dairy cattle breeds. **Journal of Dairy Science**, v.97, p.1790-1798, 2014.

GAUGLER, H.R.; BUCHANAN, D.S.; HINTZ, R.L. et al. Sow productivity comparisons for four breed of swine: purebred and crossbred litters. **Journal of Animal Science**, v.59, n.4, p.941-947, 1984.

HAO, K.; CHENG, L.; ROSENOW, C. et al. Estimation of genotype error rate using samples with pedigree information – an application on the GeneChip Mapping 10K array. **Genomics**, v.84, p.623-630, 2004.

HERMESCH, S.; LUXFORD, B.G.; GRASER, H.U. Feeding level influences genetic parameters for performance traits in pigs. In: VII World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France, p.143-146, 2002, **Anais...** Montpellier, 2002.

HOLYOAKE, P.K.; DIAL, G.D.; TRIGG, T. et al. Reducing pig mortality through supervision during the perinatal period. **Journal of Animal Science**. v.73, p.3543-3551, 1995.

HOQUE, M.A.; KADOWAKI, H.; SHIBATA, T. et al. Genetic parameters for measures of feed efficiency of boars and their genetic relationships with its component traits in Duroc pigs. **Journal of Animal Science**, v.85, p.1873-1879, 2007.

JOHNSON, M.H.; NOTTER, D.R. Simulation of genetic control of reproduction in beef cows. I. Simulation Model. **Journal of Animal Science**, v.65, p.68-75, 1987.

KANEKO, M.; LIDA, R.; KOKETSU, Y. Herd management procedures and factors associated with low farrowing rate of female pigs in Japanese commercial herds. **Preventive Veterinary Medicine**, v.109, p.69-75, 2013.

KIRKDEN, R. D.; BROOM, D.M.; ANDERSEN, I.L. Piglet mortality: Management solutions. **Journal of Animal Science**, v. 9, p.3361-3389, 2013.

KRISTENSEN, T.N.; SORENSEN, A.C. Inbreeding – lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. **Journal of Animal Science**, v.80, p.121-133, 2005.

KRUPA, E.; ZÁKOVÁ, E; KRUPOVÁ, Z. Evaluation of inbreeding and genetic variability of five pig breeds in Czech Republic. **Asian-Australasian Journal of Animal Sciences**, v.28, n.1, p.25-36, 2015.

KUEHN, L.A. **Implications of Connectedness in the Genetic Evaluation of Livestock**. 2005. 121p. Dissertação (Doctor of Philosophy In Animal and Poultry Sciences) – Virginia Polytechnic Institute and State University, 2005.

LEROY, G. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. **Animal Genetics**, v.45, p.618-628, 2014.

LIPENSKÝ, J.; LUSTYKOVÁ, A.; ČEŘOVKÝ, J. Effect of season on boar sperm morphology. **Journal of Central European Agriculture**, v.11, n.4, p.465-468, 2010.

LISBOA, M.N.T.S. Patologia e controle de natimortos. **Suinocultura Industrial**, v.10, n.125, p.18-24, 1996.

LÓPEZ, N.; GALÍNDEZ, R. Evaluación de la productividad acumulada al destete en cerdas Large White, Landrace y Cruzadas en una granja comercial. **Zootecnia Tropical**, v.29, n.4, p.445-453, 2011.

MELKA, M.G.; SCHENKEL, F. Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. **Canadian Journal of Animal Science**, v.90, p.331-340, 2010.

MELLAGI, A.P.G.; BORTOLOZZO, F.P.; WENTZ, I.; Abortamento e partos antecipados em suínos. In: I Simpósio UFRGS sobre produção, reprodução e sanidade suína. Porto Alegre/RS, p.215-220, 2006, **Anais...**, Porto Alegre, 2006.

MEUWISSEN, T.H.E.; WOOLLIAMS, J.A. Effective size of livestock populations to prevent a decline in fitness. **Theoretical and Applied Genetics**, v.89, p.1019-1026, 1994.

MISZTAL, I. [2002]. **REMLF90 - Manual**. Disponível em: <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/numpub/blupf90/docs/remlf90.pdf> Acesso em 12/10/2012.

MORÉS, N. Mesentery Torsion or Hemorrhagic Bowel Syndrome: how important it is, how to recognize, what are the causes and how to control. **Acta Scientiae Veterinariae**. v.37, supl 1, p.11-15, 2009.

NSIF-FS3. 2002. **Genetic parameters and their use in swine breeding. National swine Improvement federation**. Disponível em: <http://www.nsis.com> Acesso em 11/05/2009.

ORLANDO, U.; GONÇALVES, M; CAST, W. et al. Genetic improvement and nutrition trends. In: World Nutrition Forum. Vancouver, Canada, p.177-181, 2016, **Anais...**, Vancouver, 2016.

PELTONIEMI, O.A.T.; OLIVIERO, C. **The gestating and lactating sow**. Wageningen Academic Publishers, p.231-252, 2015.

PELTONIEMI, O.A.T.; TAST, A.; LOVE, R.J. Factors effecting reproduction in the pig: seasonal effects and restricted feeding of the pregnant gilt and sow. **Animal Reproduction Science**, v.60, p.173-184, 2000.

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5ª Ed., Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 617p.

PESSOA, M.C. **Sistema de simulação para avaliar a eficiência da seleção genômica em populações de suínos**. Viçosa, 2015, 45p. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal de Viçosa, 2015.

POLLAK, E.J.; VAN DER WERF, J.; QUAAS, R.L. Selection bias and multiple trait evaluation. **Journal of Dairy Science**, v.67, p.1590-1595, 1984.

REIS, R.L.; MUNIZ, J.A.; SILVA, F.F. et al. Additive genetic variance estimates in selected and unselected populations via Monte Carlo simulation using the R software. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.33, n.1, p.285-291, 2009.

ROBERTSON, A. Inbreeding in artificial selection programmes. **Genetical Research**, v.2, p.189-194, 1961.

ROTHSCHILD, M.F.; BIDANEL, J.P. Biology and genetics of reproduction. In: **The genetics of the pig**, CAB International, Wallingford, 1998.

SESTI, L.A.C.; SOBESTIANSKY, J. Aspecto da Produtividade. In: SOBESTIANSKY, J.; WENTZ, I.; SILVEIRA, P.R.S.; SESTI, L.A.C. **Suinocultura intensiva: produção, manejo e saúde do rebanho**. Concórdia: Embrapa-CNPSA, 1998, p.29-43.

SEVILLANO, C.A.; MULDER, H.A.; RASHIDI, H. et al. Genetic variation for farrowing rate in pigs in response to change in photoperiod and ambient temperature. **Journal of Animal Science**, v.94, p.3185-3197, 2016.

SILVA, F.F.; AQUINO, L.H.; OLIVEIRA, A.I. Estimativas de variâncias genéticas aditivas em populações selecionadas e não selecionadas via simulação Monte Carlo. In: RBRAS-SEAGRO, 2001, Piracicaba, SP. **Anais...** Piracicaba: ESALQ, 2001.

SILVEIRA, P.R.S.; AMARAL, A. Análise dos fatores mais comuns relacionados com falhas reprodutivas em modernos rebanhos suínos. **Revista Brasileira de Reprodução Animal**, n.6, p.187-193, 2009.

SORENSEN, D.; FERNANDO, R.; GIANOLA, D. Inferring the trajectory of genetic variance in the course of artificial selection. **Genetics Research**, v.77, p.83-94, 2001.

SOUZA, G.H. **Avaliação de biotecnologias reprodutivas em programas de melhoramento utilizando simulação de dados**. Viçosa, 2008, Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2008.

STRAW, B.; DEWEY, C.; KOBER, J. et al. Factors associated with death due to hemorrhagic bowel syndrome in two large commercial swine farms. **Journal of Swine Health and Production**, v.10, p.75-79, 2002.

TEMPLETON, A.R.; READ, B. Factors eliminating inbreeding depression in a captive herd of Speke's gazelle (*Gazella spekei*). **Zoo Biology**, v.3, p.177-199, 1984.

TEMPLETON, A.R.; READ, B. **Inbreeding: one word, several meanings, much confusion**. In: Conservation genetics (ed. V. Loeschcke, J. Tomiuk and S. K. Jain), pp. 91-105. Birkhäuser, Basel, 1994.

TRIBOUT, T.; CARITEZ, J.C.; GRUAND, J. et al. Estimation of genetic trends in French Large White pigs from 1977 to 1998 for growth and carcass traits using frozen semen. **Journal of Animal Science**, v.88, p.2856-2867, 2010.

TUMMARUK, P.; LUNDEHEIM, N.; EINARSSON, S. et al. Effect of birth litter size, birth parity number, growth rate, back fat thickness and age at first mating of gilts on their reproductive performance as sows. **Animal Reproduction Science**, v.66, p.225-237, 2001.

VAN DER WERF, J.H.; DE BOER, I.J. Estimation of additive genetic variance when base populations are selected. **Journal of Animal Science**, v.68, p. 3124-3132, 1990.

VAN RENSBURG, L.J.; SPENCER, B.T. The influence of environmental temperatures on farrowing rates and litter sizes in South African pig breeding units. **Onderstepoort Journal of Veterinary Research**, v.81, n.1, art. n° 824, 7p., 2014.

WEIGEL, K.A. Controlling inbreeding in modern breeding programs. **Journal of Dairy Science**, v.84, p.177-184, 2001.

WELSH, C.S.; STEWART, T.S.; SCHWAB, C. et al. Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. **American Society of Animal Science**, v.88, p.1610-1618, 2010.

WILLOUGHBY, J.R; FERNANDEZ, N.B; LAMB, M.C. et al. The impacts of inbreeding, drift and selection on genetic diversity in captive breeding populations. **Molecular Ecology**, v.24, p.98-110, 2015.

WOOLLIAMS, J.A.; BERG, P.; DAGNACHEW, B. et al. Genetic contributions and their optimization. **Journal of Animal Breeding Genetics**, v.132, p.89-99, 2015.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v.56, p.330-338, 1922.

YAMAKI, M. **Impacto da restrição de dados na avaliação genética animal**. Viçosa, 2009, 57p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento Animal) – Universidade Federal de Viçosa, 2009.

YOUNG, L.D. Reproduction of F1 Meishan, Fengjing, Minzhu and Duroc gilts and sows. **Journal of Animal Science**, v.73, p.711-721, 1995.

ANEXOS

ANEXO A – Exemplo de cartão de parâmetros para o simulador

197623	#Semente aleatória
pedcodLX.PED	#Arquivo de pedigree inicial
animalvgcodLX.PED	#Arquivo inicial de EBVs dos animais da G0
4	#Número de características
14.7582 0.2148 0.1578 1.8748	# -----
0.2148 0.0528 0.0119 -0.1145	# Matriz de covariância dos valores genéticos
0.1578 0.0119 0.0068 -0.0374	# -----
1.8748 -0.1145 -0.0374 5.2329	# -----
10.0 15.0	#Porcentagem de perdas pós-seleção (machos e fêmeas)
12 4	#Número máximo de coberturas por animal (machos e fêmeas)
91.0	#Taxa de parição
8.5 0.8	#Parentesco máximo permitido na cobertura e incremento esperado por geração
49.0 59.0 74.0 86.0 97.0	#Probabilidades cumulativas da parição (com base no número máximo de coberturas por fêmea)
14.5	#Total de leitões nascidos
6.3	#Mortalidade no parto
5.8	#Mortalidade na lactação
1.0	#Mortalidade na recria
15.0	#Descarte de machos na recria
0.0	#Descarte de fêmeas na recria
1.2	#Mortalidade no teste
2.9	#Variação em DP do número de animais FT por parto
42.0	#Porcentagem de machos em FT por parto
-0.9837 -0.1 -190.3968 0.9962	#Pesos do índice de seleção dos machos
-0.7207 -0.1 -180.9077 0.8982	#Pesos do índice de seleção das fêmeas
49	#Número de machos selecionados
214	#Número de fêmeas selecionadas
0 1	#Número máximo de IC na seleção (machos e fêmeas)
1 14	#Número máximo de MI na seleção (machos e fêmeas)
20.0 15.0	#Porcentagem de perdas na seleção (machos e fêmeas)
10	#Número de gerações (além da G0)