

Melhoramento Animal I

Estudo Dirigido da Disciplina

Prof. Felipe Gomes da Silva

Curso de Zootecnia

ICA/UFMG

2022

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Even3 Publicações, PE, Brasil)

S586m Silva, Felipe Gomes da
Melhoramento Animal I [Recurso Digital] / Felipe Gomes
da Silva. – Recife: Even3 Publicações, 2022.

DOI 10.29327/574829
ISBN 978-65-5941-869-5

1. Consanguinidade. 2. Fontes de Variação. 3. Ganho
Genético. I. Título.

CDD 570

CRB-4/1241

Prefácio

Este livro foi desenvolvido com o objetivo de auxiliar os discentes da disciplina Melhoria Animal I, trazendo introdução aos assuntos, links para aulas gravadas, fórmulas úteis e exercícios de fixação.

Alguns assuntos também já possuem vídeos de resolução de exercícios, os quais são recomendados apenas após realizar os exercícios de fixação como forma de aferição e comparação de metodologias de resolução e formas de raciocinar.

Cada um dos quinze capítulos deste livro se refere ao conteúdo planejado para uma das semanas de aula da disciplina, em ordem equivalente.

A depender do uso e interesse dos discentes que cursam a disciplina, novas edições atualizadas incluindo mais informações poderão ser desenvolvidas.

Apesar de ter sido desenvolvido pensando nos alunos da disciplina, possui informações que podem ser úteis a outros leitores interessados.

ÍNDICE

01 – Apresentação, revisão e conceitos _____	3
02 – Frequências gênicas e genótípicas _____	12
03 – Fontes de alterações das frequências _____	18
04 – Equilíbrio de Hardy-Weinberg _____	24
05 – Revisão e primeira avaliação _____	29
06 – Fontes de variação _____	30
07 – Estimação de parâmetros _____	38
08 – Seleção e ganho genético _____	46
09 – Considerações na seleção _____	53
10 – Revisão e segunda avaliação _____	59
11 – Respostas indiretas _____	60
12 – Tamanho efetivo e endogamia _____	69
13 – Parentesco e consanguinidade _____	74
14 – Unidade e métodos de seleção _____	79
15 – Revisão e terceira avaliação _____	90
BIBLIOGRAFIA _____	91
TABELAS _____	98

01 – Apresentação, revisão e conceitos

Resumo

Esta aula será dividida em três partes, na primeira faremos a apresentação da disciplina, na qual falaremos sobre a ementa, cronograma e formas de avaliação. Na segunda parte será feita uma breve revisão de conceitos de genética vistos na disciplina de Genética Básica e que serão muito importantes na compreensão dos assuntos desta disciplina. Na terceira parte da aula nós começaremos a abordar novos conceitos que irão ajudar muito na compreensão e aproveitamento dessa disciplina.

Palavras-Chave: Características desfavoráveis, favoráveis, qualitativas e quantitativas.

Aula 01 Parte A

Conforme regulamentado pelo Ministério de Educação e Cultura, será exigida uma frequência de 75% para aprovação. Os alunos que atingirem essa frequência dependerão também das notas na disciplina.

As notas serão obtidas em três avaliações do conhecimento, as duas primeiras possuirão peso de 33% e a última de 34%. Ao somar as notas estarão aprovados os discentes que conseguirem valor superior ou igual a 60%.

Esse valor está de acordo com as normas institucionais que ainda tratam do Exame Especial, que será disponibilizado aos discentes que não atingirem os 60% de aproveitamento das avaliações, mas conseguirem ao menos 40%. Notas inferiores a 40% não geram direito a realizar o Exame Especial.

Nosso cronograma possui quinze semanas de aula, as quais são divididas em três módulos iguais, cada módulo possui quatro aulas de assuntos seguidas por uma aula de dúvidas e atividade avaliativa.

Dessa forma nas semanas 1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 11, 12, 13 e 14, tratamos de assuntos importantes previstos no cronograma que coincide com os capítulos do índice desse livro.

Enquanto nas semanas 5, 10 e 15, fazemos exercícios e tiramos dúvidas na primeira hora de aula e disponibilizamos as duas últimas horas para realização da atividade avaliativa.

Aula 01 Parte B

Na disciplina de genética vimos uma ampla carga horária de conceitos úteis, devido ao curto espaço de tempo, lembraremos aqui apenas os principais para compreensão desta nova disciplina.

O principal conceito de genética sempre será o Gene, seguimento de DNA que pode ser transcrito a RNAm, e estes por sua vez, traduzido a proteína. Seja esta de função estrutural ou enzimática, não existiria vida sem tal fenômeno.

Já os alelos, são diferentes formas do mesmo gene, o que os torna responsáveis pela variabilidade genética que encontramos na natureza.

Os genes não são seguimentos de DNA soltos e isolados presentes no núcleo, eles estão agrupados dentro de grandes

seguimentos chamados de cromossomos que possuem mecanismos de compactação ou descompactação, facilitando a transcrição ou transporte em fuso para os polos das células durante divisões.

Outro conceito importante é o da mitose, divisão celular responsável por gerar quatro novas células com função reprodutiva e metade do número de cromossomos da célula mãe.

Sem a meiose não ocorreria o processo de recombinação gênica na reprodução o que apesar de não gerar novas formas alélicas é fundamental para recombiná-las.

Alguns genes possuem pleiotropia que consiste na capacidade de influenciar simultaneamente duas características gerando correções genéticas inquebráveis entre elas.

Outros genes conseguem gerar correlação mesmo não atuando apenas em uma característica. Isso ocorre por estarem tão próximos entre que seus seguimentos de DNA sempre são transmitidos juntos aos descendentes.

Outros genes podem estar em cromossomos distintos possuindo segregação independente. O que não gera correlação genética alguma. Mas também existem aqueles genes que estão no mesmo cromossomo, mas em posições distantes, o que torna muito fácil de ocorrer crossing-overs entre eles quebrando ligações e reduzindo a correlação genética.

Aula 01 Parte C

Nesta disciplina veremos muitos novos conceitos, pois utilizaremos as ciências genética e estatística de forma a escolher para deixar descendentes os animais que permitirem melhorar o desempenho da população nas próximas gerações.

Nas ciências anteriores estávamos preocupados em entender o funcionamento biológico (genética) e promover testes de incerteza (estatística).

No melhoramento animal estamos preocupados em gerar retorno econômico através da melhoria das médias produtivas da população.

Fazemos isto agrupando conhecimentos das ciências anteriores no intuito selecionar os animais que aumentem a frequência gênica favorável na população das formas alélicas favoráveis ao desempenho econômico.

Veremos que em certos casos não saberemos exatamente o número de genes responsáveis por uma característica ou qual o efeito médio de cada gene. Mas conseguiremos prever os ganhos genéticos em características de interesse econômico aplicando os conhecimentos de genética ao melhoramento.

Também perceberemos que em alguns casos não queremos aumentar as médias e sim diminuí-las, como por exemplo em uma população com problemas constantes de partos distócicos em que queremos reduzir a média de peso ao nascimento dos bezerros. Também teremos interesse em reduzir a idade ao primeiro parto em vacas, no intuito de gerar mais cedo um bezerro e no caso de sistemas de produção de leite, começar a lograr ganhos com a produção.

Material Didático

Slides da aula

https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvki2zvmD_QyshOLbMk?e=kH8tJF

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/AUZtHqI8lf8>

Parte 2: <https://youtu.be/lnJB-Yrspy4>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios: <https://youtu.be/BrrIsdRRV78>

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Exercícios de Fixação

1) Ligue o pesquisador a sua descoberta:

Charles R. Darwin (Galápagos)	Refutou a teoria da transmissão de caracteres adquiridos
Gregor M. Mendel (Monge)	Refutou a teoria da abiogênese
James Watson e Francis Crick	Desenvolvimento da teoria da evolução
Louis Pasteur (Bico de cisne)	Descoberta dos mecanismos de herança
F. L. A. Weismann (Cauda de ratos)	Descoberta da estrutura de dupla hélice do DNA

2) Marque a opção que corresponde a **mitose** e não à **meiose**.

- a) Uma célula-mãe produz quatro células filhas
- b) Duas divisões nucleares e duas divisões citoplasmáticas
- c) Tipo de divisão que permite a segregação mendeliana
- d) Tipo de divisão que regenera tecidos em nosso corpo

3) Qual das bases nitrogenadas abaixo não faz parte do DNA?

- a) Adenina
- b) Citosina
- c) Guanina
- d) Uracila

4) Quando o heterozigoto apresenta fenótipo intermediário aos homozigotos, dizemos que houve:

- a) Epistasia
- b) Sobredominância
- c) Ausência de dominância
- d) Dominância completa

5) Qual pilar da Zootecnia permite transmitir ganhos obtidos em na geração para os descendentes?

- a) Melhoramento Genético
- b) Bioclimatologia
- c) Nutrição Animal
- d) Nenhum

6) Qual opção NÃO corresponde a uma característica qualitativa?

- a) Pouco influenciadas pelo ambiente
- b) Associada a genes de grande magnitude
- c) Governada por grande número de genes
- d) Ex.: Ausência de cornos; cor da pelagem, etc.

7) Qual opção NÃO corresponde a características quantitativas?

- a) Muito influenciadas pelo ambiente
- b) Ex.: Produção de leite, peso ao sobreano, etc.
- c) Associada a genes de grande magnit.
- d) Governada por grande número de genes

8) Características quantitativas, geralmente seguem distribuição:

- a) Binomial
- b) Gama
- c) Normal
- d) Beta
- e) Chi-Quadrado

9) Qual das características a seguir é do tipo qualitativa?

- a) Tamanho de leitegada
- b) Perímetro escrotal
- c) Peso ao abate
- d) Ausência de cornos

10) Qual das características a seguir é do tipo quantitativa?

- a) Bovino com pelagem vermelha
- b) Cabra com presença de brincos
- c) Codorna com 320 gramas aos 42 dias
- d) Suíno com faixa preta em parte do tronco

11) Qual das características a seguir é favorável?

- a) Eficiência alimentar em caprinos
- b) Intervalo entre partos em bovinos
- c) Espessura do toucinho em suínos
- d) Contagem de células somáticas em ovinos

12) Qual das características a seguir é desfavorável?

a) Área do olho de lombo em bovinos de corte

b) Perímetro escrotal em ovinos

c) Número de ovos eclodidos em galinhas

d) Conversão alimentar em suínos

02 – Frequências gênicas e genótípicas

Resumo

Nessa aula veremos o que são frequências gênicas e genótípicas de uma população, como calcular essas frequências e qual a importância desse conhecimento para o melhoramento genético animal. Também vamos adiantar quais são os fatores que podem alterar essas frequências ao longo das gerações. Esse conhecimento é diretamente aplicado à seleção de características qualitativas...

Palavras-Chave: Alelos, genes, população e proporções.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgelubQeIHfbspdsuwQ?e=eWwYiV>

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/wAUz5LpFyMQ>

Parte 2: <https://youtu.be/9uT-wqDWIQE>

Parte 3: <https://youtu.be/k2-Q7rUQ9sA>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios: <https://youtu.be/7mmVz8CfpUs>

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Fórmulas úteis

Frequência do alelo recessivo

$$q = R + \frac{H}{2}$$

, onde:

- q é a frequência do alelo recessivo;
- R é a frequência do genótipo recessivo;
- H é a frequência do genótipo heterozigoto.

Frequência do alelo dominante

$$p = D + \frac{H}{2}$$

, onde:

- p é a frequência do alelo dominante;
- D é a frequência do genótipo dominante;
- H é a frequência do genótipo heterozigoto.

Exercícios de Fixação

1) Qual das definições mais se aproxima do significado de gene?

a) Estruturas responsáveis pelo fuso mitótico do cromossomo durante a divisão celular.

b) Segmento do DNA que pode ser transcrito a RNA e traduzido a Proteína.

c) Conjunto de aminoácidos com função enzimática de catabolismo ou anabolismo.

d) Lipídios e proteínas que formam a parede celular.

2) Qual das definições mais se aproxima do que é um alelo?

a) Segmento de DNA uniforme e idêntico dentro de todos os indivíduos da espécie.

b) É o desvio que ocorre quando existe cruzamento entre indivíduos de raças distintas

c) Formas diferentes de um mesmo gene que podem levar a expressões diferentes no portador.

d) São proteínas responsáveis por duplicar o material genético

3) Qual das definições a seguir mais se aproxima de população?

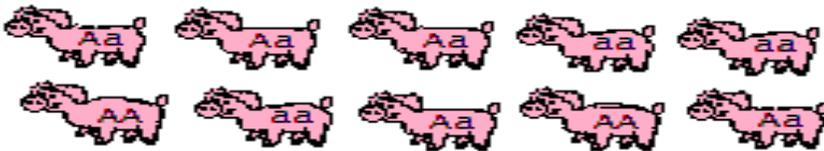
a) Conjunto de diferentes espécies que ocupa determinada área do globo

b) Conjunto de indivíduos gerados através do cruzamento entre espécies distintas

c) Razão entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica

d) Conjunto de indivíduos com características comuns que acasalam e deixam descendentes

Figura 1.1: Os dez porquinhos.



4) Qual a frequência **genotípica** da população da Figura 1.1?

- a) $AA = 30\%$ / $Aa = 50\%$ / $aa = 20\%$
 b) $A = 45\%$ / $a = 55\%$
 c) $AA = 20\%$ / $Aa = 50\%$ / $aa = 30\%$
 d) $A = 50\%$ / $a = 50\%$

5) Qual a frequência **gênica** da população da Figura 1.1?

- a) $A = 50\%$ / $a = 50\%$
 b) $A = 45\%$ / $a = 55\%$
 c) $AA = 25\%$ / $Aa = 50\%$ / $aa = 25\%$
 d) $AA = 20\%$ / $Aa = 50\%$ / $aa = 30\%$

6) Sobre frequências **gênicas**, qual fórmula está **errada**?

- a) $q=f(a)$ b) $f(A)-f(a)=1$ c) $p=f(A)$ d) $p+q=1$

7) Sobre frequências **genotípicas**, qual fórmula está **errada**?

- a) $H=f(Aa)$ b) $D+H+R=1$ c) $R=f(aa)$ d) $p+H+q=1$

8) Uma população de galinhas da raça Andaluza possui 10 % dos animais de cor preta (PP) e 20 % dos animais de cor azul (PB) o restante dos animais possui cor Branca (BB). Pergunta-se: Qual a frequência da forma alélica B?

- a) 80% b) 70% c) 20% d) 30%

9) Marque a opção **correta**:

a) A proporção de indivíduos pertencentes a cada fenótipo descreve a constituição genética.

b) $f(a)=0,36$ e $f(A)=0,64$ são exemplos de frequências alélicas de uma população.

c) Frequências gênicas e genotípicas são sinônimos e frequências alélicas tem outro significado.

d) $f(a)=0,48$ e $f(A)=0,54$ são exemplos de frequências gênicas de uma mesma população.

e) $f(aa)=0,35$; $f(Aa)=0,45$ e $f(AA)=0,25$ são um exemplo de frequências genotípicas de uma mesma população.

10) Em uma população de bovinos com frequência de 0,30 do alelo [A] para o gene [A/a], qual será a frequência na próxima geração do alelo [a] se chegarem imigrantes que contabilizem 10% do volume da nova população, sendo a frequência do alelo [A] nos migrantes de 0,5? E qual será a mudança da frequência?

a) 0,68 e -0,02 b) 0,5 e 0,1

c) 0,5 e -0,1 d) 0,72 e 0,02

11) Uma colônia de Suricates contendo 265 animais [$f(a)=0,4$] recebe um bando de migrantes com 35 destes animais [$f(A)=0,3$]. Quais será a frequência gênica do alelo **a** e a taxa de mudança?

a) 0,435 e 0,035 b) 0,365 e -0,035

c) 0,4 e 0,035 d) 0,350 e 0,150

03 – Fontes de alterações das frequências

Resumo

As frequências gênicas e genotípicas de uma população podem ser alteradas ao longo de gerações por dois tipos básicos de processos, o dispersivo e os sistemáticos. O primeiro tipo é ocasionado pela deriva genética, a qual possui intensidade previsível, mas sua direção não pode ser prevista. A deriva genética é mais intensa em pequenas populações e pode se tornar insignificante em populações muito grandes. Já o segundo tipo, processos sistemáticos, possuem intensidade e seleção previsíveis. E são ocasionados pela seleção, migração e mutação, a seleção será estudada intensamente ao longo das disciplinas de melhoramento animal, pois permite aumentar as frequências gênicas favoráveis em detrimento das desfavoráveis. A migração também permite obter melhorias em uma população ao trazer indivíduos e/ou material genético com “melhores” frequências gênicas para a população a ser melhorada. Já a mutação, que é a grande responsável por toda a variabilidade existente (desejável ou não), possui menor impacto de uma geração para outra, mas deve ser bem compreendida para evitar problemas no longo prazo.

Palavras-Chave: Migração; Mutação; Seleção.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeJzPKmcfYUgyqsCtA?e=nTKxFH>

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/5q49M8cm0aY>

Parte 2: <https://youtu.be/LcjcuJwKMgI>

Parte 3: <https://youtu.be/fyzGA-N5dmk>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios: <https://youtu.be/9xWe6hbqP2g>

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Fórmulas úteis

Cálculo de migração

$$q_1 = (1 - m) * q_0 + m * q_m$$

, onde:

- q_1 é a frequência do alelo recessivo na próxima geração;
- q_0 é a frequência do alelo recessivo nos nativos;
- q_m é a frequência do alelo recessivo nos migrantes;
- $(1 - m)$ é a proporção de indivíduos nativos;
- m é a proporção de indivíduos migrantes.

Cálculo de mutação

$$q_1 = q_0 + u * p_0 - v * q_0$$

, onde:

- q_1 é a frequência do alelo recessivo na próxima geração;
- q_0 é a frequência do alelo recessivo na geração atual;
- p_0 é a frequência do alelo dominante na geração atual;
- u é a taxa de mutação do alelo **A** para o alelo **a**;
- v é a taxa de mutação do alelo **a** para o alelo **A**.

Cálculo de seleção contra o fenótipo recessivo

$$q_1 = \frac{p_0 * q_0 + q_0^2 * (1 - s)}{1 - s * q_0^2}$$

, onde:

- q_1 é a frequência do alelo recessivo na próxima geração;
- q_0 é a frequência do alelo recessivo na geração atual;
- s é a porcentagem dos recessivos não selecionados.

Mudanças nas frequências gênicas

Independente da fonte de alteração das frequências gênicas e genotípicas, o cálculo das mudanças nas frequências gênicas pode ser realizado da mesma forma. Subtraindo a frequência gênica do alelo recessivo na nova geração (q_1) pela frequência na população anterior (q_0).

$$\Delta q = q_1 - q_0$$

, onde:

- Δq é a mudança na frequência gênica;
- q_1 é a frequência do alelo recessivo na próxima geração;
- q_0 é a frequência do alelo recessivo na geração atual.

Exercícios de Fixação

1) Marque a questão abaixo que **NÃO** se refere a mutação do tipo recorrente:

- a) Pode gerar variabilidade através do surgimento de uma forma alélica inexistente
- b) Pode ocorrer com determinada frequência e em mais de um sentido
- c) Desconsiderando outras fontes de alterações, pode alcançar uma situação de equilíbrio
- d) As taxas de mutação de **A** para **a** podem ser diferentes das taxas de **a** para **A**

2) Marque apenas a questão verdadeira:

- a) A mutação recorrente está sempre ocorrendo e por isso é responsável por aumentar a variabilidade genética da população
- b) A mutação não recorrente, embora não seja geradora de variabilidade, é muito importante pois ocorre em altas frequências
- c) De acordo com Falconer, D. S. (1981), mutações são muito raras, ocorrendo na frequência de 1/10000 a 1/100000000
- d) A mutação recorrente nunca atinge o equilíbrio quando a frequência de mutação de A para a é maior que a de a para A

3) Supondo que exista uma população com $f(a)=0,20$ e que a taxa de mutação de **A** para **a** seja de 1/10000 e a taxa de mutação de **a** para **A** seja de 1/100000000. Qual será a frequência do alelo **a** na próxima geração e qual a mudança na frequência gênica?

- a) 0,200079998 e 0,000079998
- b) 0,20 e 0,00

c) 0,20079998 e 0,0007998

d) 0,25 e 0,05

6) Qual tipo de característica de herança monogênica a seleção será mais eficiente?

a) Seleção contra uma forma alélica recessiva desfavorável

b) Seleção contra uma forma alélica de um gene com ausência de dominância

c) Seleção contra os genótipos homozigotos, priorizando os heterozigotos

d) Os resultados seriam exatamente iguais em todos os casos

7) "*A chave é o poder humano em fazer seleção acumulativa: a natureza fornece variações sucessivas; o homem as somam em certas direções úteis a ele.*" C. Darwin, A Origem das Espécies. Qual ou quais conteúdos da disciplina esta(ão) melhor expresso(s) nesta frase?

a) Mutação e Seleção

b) Migração e Mutação

c) Acasalamentos direcionados

d) Seleção natural

04 – Equilíbrio de Hardy-Weinberg

Resumo

Quando uma população entra em equilíbrio de Hardy-Weinberg as frequências gênicas e genotípicas permanecem constantes de uma geração para outra. Essas frequências do equilíbrio possuem algumas características próprias, como por exemplo a frequência dos genótipos homocigotos dominantes é igual ao quadrado da frequência do alelo dominante. De forma análoga a frequência do genótipo homocigoto recessivo é igual ao quadrado da frequência do alelo recessivo. Por fim, a frequência do genótipo heterocigoto pode ser igualada a duas vezes o produto da frequência dos alelos dominante e recessivo. Mas para alcançar estas frequências do equilíbrio é necessário que ocorra uma geração de acasalamentos ao acaso em uma população grande o suficiente para desconsiderar a ocorrência de deriva genética, em que não estejam ocorrendo migrações, nem seleção e precisamos assumir também que não estejam ocorrendo mutações. Pois caso ocorra qualquer fonte de alteração das frequências gênicas e genotípicas, obviamente elas não serão as mesmas nas próximas gerações...

Palavras-chave: Acasalamentos ao acaso; Deriva genética; Frequências do equilíbrio.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6-xtvkgeJ3sCxn9kpfwnK8g?e=Q2xGkV>

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/NjTILY14ohc>

Parte 2: <https://youtu.be/H61AJSQupUU>

Parte 3: <https://youtu.be/eN6siSHuPyo>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios: <https://youtu.be/hAcCPguDzC8>

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Fórmulas úteis

Admitindo-se que uma população esteja em equilíbrio de Hardy-Weinberg, as frequências gênicas e genótípicas não se alteram de uma geração para outra. Quando isso ocorre, as três equações a seguir passam a ser verdadeiras.

$$D = p^2$$

, onde:

- D é a frequência do genótipo homocigoto dominante;
- p é a frequência da forma alélica dominante.

$$R = q^2$$

, onde:

- R é a frequência do genótipo homocigoto recessivo;
- q é a frequência da forma alélica recessiva.

$$H = 2 * p * q$$

, onde:

- H é a frequência do genótipo heterocigoto;
- p e q já foram definidos nesta página.

Exercícios de Fixação

1) Abaixo estão algumas regras para que uma população entre em EHW, entretanto, uma das regras está errada. Qual?

- a) Não deve ocorrer mutações
- b) Não deve haver seleção natural nem artificial
- c) Não pode ser permitida a migração
- d) Os acasalamentos devem ser direcionados evitando endogamia

2) É comum escutar que para que uma população entre em E.H.W. é necessário que ela seja muito grande, por que?

- a) Em grandes populações o efeito da mutação recorrente é reduzido
- b) Em grandes populações é menos comum ocorrerem grandes migrações
- c) Se o tamanho da população tende ao infinito, o efeito da deriva genética tende a zero
- d) Em grandes populações a intensidade de seleção aplicada pode ser maior

3) Qual das fórmulas a seguir só funciona se a população estiver em Equilíbrio de Hardy-Weinberg?

- a) $p + q = 1$
- b) $D + H + R = 1$
- c) $p = D + H / 2$
- d) $H = 2.p.q$

4) Supondo uma população de caprinos em E.H.W. para o gene mocho (C/c). Qual a frequência de C (alelo dominante que determina caractere mocho), se a porcentagem de indivíduos com chifres (cc) é de 36 %?

- a) 0,36 b) 0,40 c) 0,48 d) 0,60

5) Admitindo **E.H.W.**, marque as com V as alternativas verdadeiras e com F as falsas:

- a) Se $f(aa)=0,36$, então: $f(AA)=0,24$ e $f(A)=0,6$
 b) Se $f(A)=0,4$, então: $f(aa)=0,16$; $f(Aa)=0,48$ e $f(AA)=0,36$
 c) Se $f(aa)=0,25$, então $f(a)=0,5$ e $f(A)=0,5$
 d) Se $f(a)=0,6$, então: $f(aa)=0,16$; $f(Aa)=0,48$ e $f(AA)=0,36$

6) Admitindo que uma população esteja em EHW. Qual a frequência do genótipo heterozigoto para o gene (I/i) em uma população com 250 indivíduos homozigotos recessivos? Sabendo-se que o tamanho da população é de 1000 indivíduos.

- a) 0,25 b) 0,75 c) 0,50 d) 0,30

7) Admitindo que uma população esteja em EHW. E que possua as seguintes frequências fenotípicas: 490 animais com cornos e 510 animais sem cornos. Considerando o caráter mocho dominante sobre cornos na raça. Qual a frequência do alelo dominante?

- a) 0,2 b) 0,3 c) 0,7 d) 0,6

8) Verifique se a população abaixo está em EHW. Marque V para verdadeiro e F para falso.

- a) $F(AA)=0,25$; $F(Aa)=0,5$; $F(aa)=0,25$; $F(A)=0,5$ e $F(a)=0,5$.
 b) $F(AA)=0,3$; $F(Aa)=0,3$; $F(aa)=0,4$; $F(A)=0,45$ e $F(a)=0,55$.

05 – Revisão e primeira avaliação

Na quinta semana está programado uma aula de dúvidas para revisar o aprendizado, seguido da primeira avaliação do aprendizado. Farão parte desta avaliação os conteúdos que foram ensinados nas aulas 1, 2, 3 e 4.

06 – Fontes de variação

Resumo

Quando analisamos características quantitativas de interesse econômico em sistemas de produção animal (Exemplos: Peso ao nascimento, desmame ou abate, produção de leite na lactação, número de ovos no produzidos no período de postura.) a maior parte delas segue distribuição normal. Dessa forma vemos nítida diferença nos potenciais de produção dos animais, sendo a maioria medianos, e uma minoria se destacando muito a direita da distribuição normal ou mesmo à esquerda. Mas o que causa todas essas variações. Nessa aula veremos que parte delas pode ser causada pela genética dos animais e outra pelo ambiente. E que por sua vez a genética pode ser subdividida em efeitos aditivos, desvios de dominância e efeitos epistáticos. Enquanto os efeitos ambientais podem ser divididos em permanente e temporários. Dessa forma modelos estatísticos podem ser utilizados para estimar qual parte da variação pode ser atribuída a cada causa e inclusive prever efeitos em cada animal associados à parte genética aditiva. Esta última parte citada desperta nosso maior interesse, mas por quê? Assista as aulas para descobrir!

Palavras-chave: Desvio de dominância; Efeito aditivo; Epistasia.

Esquemas Úteis

Muitas características produtivas de animais domésticos são influenciadas pela qualidade das enzimas presentes nos indivíduos, sejam estas de função catabólica ou anabólica. A qualidade das enzimas por sua vez será influenciada pelas formas alélicas de seu gene precursores.

Efeitos aditivos

Os efeitos genéticos aditivos consistem na soma dos valores esperados para cada forma alélica presente no indivíduo. Essa é a parte genética de maior interesse para o melhoramento animal, pois ao considerá-la na seleção, transmitimos estes efeitos para as próximas gerações.

Caso esta fosse a única fonte de variação genética nos animais domésticos, provavelmente a seleção seria muito mais rápida e de mais fácil visualização a campo por parte dos selecionadores.

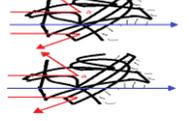
Entretanto, veremos que ao simplesmente somar estes efeitos, frequentemente encontramos desvios nos valores médios esperados para os genótipos. E como se somássemos 2 (efeito médio do alelo **a**) e 4 (efeito médio do alelo **A**) e ao invés de obter o resultado 6 (matematicamente esperado), encontrássemos valores médios de 7 ou 8 (acima do esperado).

Quando isso ocorre, percebemos que existe algo a mais. Um desvio que a modelagem considerando apenas o efeito aditivo não consegue captar. Nas próximas páginas mostraremos esquemas que nos ajudem a entender a causa destes desvios.

Desvio de dominância

Quando os homozigotos dominante e recessivo produzem fenótipos de valores 6 e 2, respectivamente. Esperamos que o heterozigoto produza valor 4. Mas isso nem sempre ocorre, o heterozigoto pode produzir 5 (dominância parcial) ou até 6 (dominância completa). O esquema abaixo tenta ilustrar a causa de desvios de dominância, com um exemplo de dominância parcial.

Tabela 6.1 contendo a Figura 6.1.

Indivíduo \ Descrição	Substrato Disponível	Enzimas governadas pelo gene A/a	Produto Gerado
Homozigoto Dominante (AA)	6		6
Heterozigoto (Aa)	6		5
Homozigoto Recessivo (aa)	6		2

Desvios epistáticos

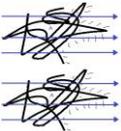
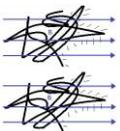
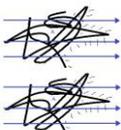
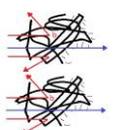
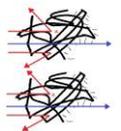
Semelhante aos desvios ocasionados pela combinação alélica um locus específico, também podem existir desvios ocasionados pela combinação alélica em loci distintos, nesse segundo caso estamos falando sobre desvios epistáticos.

Tais desvios podem ser facilmente compreendidos se pensarmos que duas enzimas 1 e 2, governadas pelos genes A/a e B/b respectivamente, estejam em uma rota metabólica.

Nesse caso se verificarmos a tabela 6.2, perceberemos que não importa que o indivíduo seja AA, Aa ou aa, caso ele possua o pior genótipo para o gene B/b. Pois independente da quantidade de subproduto que seja gerado, apenas um terço será convertido em produto final.

De forma análoga, pouco importa neste exemplo qual o genótipo para o gene B/b, seja ele BB, Bb ou bb, caso o indivíduo possua o pior genótipo (aa) para o gene A/a. Isso por que independente da capacidade maior das enzimas governadas pela forma alélica B, não haverá subproduto suficiente para ser convertido em produto final.

Tabela 6.2 contendo as figuras 6.2 e 6.3, da esquerda para a direita.

Descrição Genótipo	Substrato Disponível	Enzimas governadas pelo gene A/a	Produto Intermediário	Enzimas governadas pelo gene B/b	Produto Final
AABB	6		6		6
AAbb	6		6		2
aaBB	6		2		2

Material Didático

Slides da aula

https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeJ9Wk7k8-18ZqG_yQ?e=TedVLe

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/FKeov8b9mUA>

Parte 2: <https://youtu.be/h7tX2YkFBW0>

Parte 3: <https://youtu.be/KEEQerhQBZQ>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Exercícios de Fixação

1) Perguntas de **V** ou **F** sobre definições entre fontes de variação:

- a) A variância amostral é obtida de uma amostra de uma população, não passando por nenhum processo de correção
- b) A variância fenotípica pode corresponder a amostral, mas em alguns casos remove-se antes a influência de efeitos fixos
- c) A variância genotípica é aquela causada pelas diferentes combinações de genótipos, desconsidera-se efeitos ambientais
- d) A variação ambiental é causada por efeitos que não descritos nas cargas genéticas dos indivíduos
- e) O efeito ambiental representa toda fonte de variação não herdável
- f) O efeito genético aditivo representa a soma dos efeitos médios dos genes do indivíduo
- g) O efeito de desvio de dominância é aquele que depende da combinação das formas alélicas presentes no loco
- h) O efeito da epistasia é aquele que depende das combinações de formas alélicas de loci distintos
- i) A variância ambiental pode ser dividida em uma parte genética e outra não genética
- j) A variância dos desvios de dominância é transmitida aos descendentes por meio dos gametas
- k) Os efeitos epistáticos de dois genes em cromossomos distintos são transmitidos aos descendentes
- l) A variância genética aditiva pode ser dividida em variância dos desvios dos efeitos de interação intra loco e entre locos
- m) A variância dos desvios da dominância pode ser dividida em ambiente permanente e outra de ambiente temporário

[] n) A variância causada pelos desvio de interação intra loco é mais importantes do que a causada pelos desvios de dominância

2) Marque **apenas** a opção **correta**:

[] a) O cálculo da herdabilidade no sentido restrito envolve a variância genotípica no numerador

[] b) O cálculo da herdabilidade no sentido amplo envolve a variância genética aditiva no numerador

[] c) O cálculo da herdabilidade no sentido amplo envolve a variância genotípica no denominador

[] d) O cálculo da herdabilidade no sentido restrito envolve a variância ambiental sobre fenotípica

[] e) A herdabilidade no sentido amplo é mais importante no melhoramento animal

[] f) A herdabilidade no sentido amplo significa variância fenotípica sobre variância genotípica

[] g) Todas as anteriores estão erradas.

3) Sobre correlação genética, marque **a** opção **errada**.

[] a) Ações pleiotrópicas são causas permanentes de correlações genéticas

[] b) A epistasia é uma das causas da correlação genética

[] c) As ligações gênicas são causas temporárias de correlação genética

[] d) A correlação fenotípica não equivale a soma das correlações genéticas e ambientais

4) Sobre herdabilidade, marque **a** opção correta:

[] a) A herdabilidade no sentido restrito é mais importante no melhoramento animal e significa variância genotípica sobre fenotípica;

[] b) A herdabilidade no sentido amplo é mais importante no melhoramento animal e significa variância genética aditiva sobre fenotípica;

[] c) A herdabilidade no sentido restrito é mais importante no melhoramento animal e significa variância genética aditiva sobre fenotípica;

[] d) A herdabilidade no sentido amplo é mais importante no melhoramento animal e significa variância genotípica sobre fenotípica;

5) Relacione o tipo de característica com valores de herdabilidade esperados:

Caract.\ Herdab.	Baixa	Média	Alta
Reprodutiva			
Produtiva			
Carcaça			

6) Elabore uma hipótese que explique os desvios de dominância. Utilize desenhos, figuras, símbolos, valores, qualquer coisa que ajude.

7) Elabore uma hipótese que explique os desvios epistáticos. Utilize desenhos, figuras, símbolos, valores, qualquer coisa que ajude.

07 – Estimação de parâmetros

Resumo

Na aula anterior abordamos fontes de variação de características quantitativas de interesse zootécnico. Vimos também um importante pseudoparâmetro, a herdabilidade, que consiste na divisão da variância genética aditiva pela variância fenotípica. Explicamos que como a variância aditiva é responsável pela variação herdável, selecionar para características de herdabilidade muito baixa, como por exemplo contagem de células somáticas (2 a 4%) podem não resultar em ganhos satisfatórios na seleção, devendo ser abordada através de melhorias constantes de manejo. Já características produtivas, como ganho de peso, produção de leite e produção de ovos (30 a 40%) geralmente trazem resultados que compensam os gastos de capital econômico e humano. Mas o que não abordamos ainda são metodologias para estimar os parâmetros e herdabilidade populacionais para características de interesse econômico. O que nos permitiria tomar decisões quanto as características a selecionar e inclusive qual importância atribuir a cada uma. Nesta aula veremos uma das mais simples formas de estimação de componentes de variância, o método dos momentos, também chamado de método da ANOVA, por utilizar o mesmo quadro deste tipo de análise. Tal método consiste em igualar o momento populacional, componentes de variância desconhecidos, ao momento amostral, valores obtidos para os quadrados médios dos efeitos do modelo, com base na amostra.

Palavras-chave: Momento amostral; Momento populacional; Variância associada ao reprodutor.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMBRlnptsYOZlpxYg?e=rucoes>

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/P3WCRYwioKM>

Parte 2: <https://youtu.be/lisc7KIWAIE>

Parte 3: <https://youtu.be/g-vO3iOfVKY>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios: <https://youtu.be/iQpikULZHDE>

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Fórmulas úteis

Número de bezerros e reprodutores (N)

- $N_{bezerros} = I * J$
- $N_{reprodutores} = I$
- $Bezerros\ por\ reprodutor = J$

Graus de liberdade (gl)

- $gl_{total} = N_{bezerros} - 1$
- $gl_{reprodutor} = N_{reprodutores} - 1$
- $gl_{residuo} = gl_{total} - gl_{reprodutor}$

Soma de quadrados (SQ)

- $SQ_{total} = \sum_{i,j=1}^{I,J} y_{ij}^2 - \frac{\sum_{i,j=1}^{I,J} (y_{ij})^2}{I*J}$
- $SQ_{reprodutor} = \frac{\sum_{i=1}^I (\sum_{j=1}^J y_{ij})^2}{J} - \frac{\sum_{i=1}^I (\sum_{j=1}^J y_{ij})^2}{I*J}$
- $SQ_{residuo} = SQ_{total} - SQ_{reprodutor}$

Quadrados médios (QM)

- $QM_{reprodutor} = SQ_{reprodutor} / gl_{reprodutor}$
- $QM_{residuo} = SQ_{residuo} / gl_{residuo}$

Igualando os momentos amostrais e populacionais

$$QM_{residuo} \rightarrow \sigma_e^2$$

$$QM_{reprodutor} \rightarrow J * \sigma_r^2 + \sigma_e^2$$

Os momentos amostrais variam conforme o experimento, já os momentos populacionais são desconhecidos. Ao igualar os momentos nós vamos transformar os parâmetros em estimadores e obter estimativas com base nos valores amostrais obtidos em experimento.

Estimativas de componentes de variância ($\hat{\sigma}^2$)

$$\hat{\sigma}_e^2 = QM_{residuo}$$

, onde $\hat{\sigma}_e^2$ é o estimador da variância residual.

$$\hat{\sigma}_r^2 = \frac{QM_{reprodutor} - QM_{residuo}}{J}$$

, onde $\hat{\sigma}_r^2$ é o estimador da variância do reprodutor.

$$\hat{\sigma}_r^2 = \frac{1}{4} \hat{\sigma}_a^2 \therefore \hat{\sigma}_a^2 = 4 * \hat{\sigma}_r^2$$

, onde $\hat{\sigma}_a^2$ é o estimador da variância genética aditiva.

$$\hat{\sigma}_f^2 = \hat{\sigma}_r^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

, onde $\hat{\sigma}_f^2$ é o estimador da variância fenotípica.

Estimativas da herdabilidade (h^2)

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_f^2}$$

, onde h^2 é a estimativa da herdabilidade obtida para a característica sobre estudo.

Observação: Fórmulas válidas para o modelo reprodutor em experimento balanceado em delineamento inteiramente casualizado.

Exercícios de Fixação

1) Sobre estimação de parâmetros genéticos, marque a sentença INCORRETA:

a) Estimar a herdabilidade pelo método da ANOVA é igual a encontrar o valor populacional

b) A estimativa pode ser considerada o valor encontrado por um estimador

c) Diferentes amostras podem conduzir a diferentes valores estimados

d) Os parâmetros populacionais são estimados pois na prática é difícil obter dados de toda a população

e) Um estimador encontra uma estimativa para um valor populacional utilizando uma amostra

2) O método de estimação de componentes de variância pela ANOVA consiste em:

a) Todas as respostas estão erradas

b) Comparar as estatísticas calculadas e tabeladas

c) Igualar os momentos amostrais aos momentos populacionais

d) Igualar o F calculado ao F tabelado

e) Estimar a herdabilidade realizada e obter os componentes por diferença

3) Marque a sentença correta, sobre como deve ser um estimador de parâmetros genéticos.

- a) De baixa precisão e baixa acurácia
- b) De baixa precisão e alta acurácia
- c) De alta precisão e alta acurácia
- d) De alta precisão e baixa acurácia

O professor de bovinocultura de corte está estudando uma característica nova, de ultrassonografia, a qual ele acredita estar relacionada com o rendimento de carcaça. Após descobrir que você está cursando a disciplina de melhoramento animal, ele lhe pediu para estimar a herdabilidade desta nova característica através do método dos momentos ou da ANOVA. Dados fornecidos pelo professor:

- Modelo reprodutor sem dados perdidos (balanceado) e sem efeitos fixos para corrigir (DIC);
- Soma de quadrados de reprodutor = 144 e soma de quadrados total = 544;
- Número de touros testados = 10 e total de animais avaliados = 50 (filhos).

4) Qual o modelo abaixo se aproxima mais da explicação do modelo a ser utilizado neste exercício?

- a) $y_{ijk} = m + r_i + S_j + e_{ijk}$
- b) $y_{ij} = m + r_i + e_{ij}$
- c) $y_{ijk} = m + r_i + V(i)_j + e_{ijk}$
- d) $y_{ij} = r_i + e_{ij}$

5) Qual o valor obtido para o quadrado médio do reprodutor?

6) Qual o valor obtido para o quadrado médio do resíduo?

7) Qual o valor estimado para o componente de variância do reprodutor?

8) Quanto vale a variância genética aditiva?

9) Qual a estimativa da herdabilidade estimada neste exercício?

08 – Seleção e ganho genético

Resumo

Após estimar a herdabilidade será possível obter uma estimativa do ganho genético com a seleção dos animais à depender da intensidade com que a seleção é praticada. Essa intensidade é inversamente proporcional à porcentagem de indivíduos selecionados e diretamente proporcional à diferença entre as médias dos selecionados e da população. Ao estimar o ganho genético podemos decidir sobre realizar ou não a seleção dos animais, levando em consideração a comparação entres o aumento de receita esperado menos os custos envolvidos no processo. Também podemos rapidamente obter a média esperada na próxima geração somando a média atual ao ganho esperado. Outra aplicação importante é que os mesmos conhecimentos de estimação podem ser aplicados posteriormente à seleção, permitindo calcular o ganho genético realizado e inclusive a herdabilidade realizada. Valores muito discrepantes entre os esperados e realizados podem ajudar a encontrar falhas no processo seletivo ou mesmo no processo de estimação de componentes de variância populacionais.

Palavras-chave: Diferencial de seleção; Herdabilidade; Intensidade de seleção.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMFzWeFBc1ZGqBmqQ?e=MpP7mX>

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/kWWAhtqtDjk>

Parte 2: <https://youtu.be/ejDgXajf1a0>

Parte 3: <https://youtu.be/QCEYJJPwVmA>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios

Parte única: https://youtu.be/_K4BrzsnNME

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Fórmulas úteis

Ganho genético

$$\Delta G = \Delta S * h^2$$

, onde:

- ΔG é o ganho genético esperado ao praticar a seleção;
- ΔS é o diferencial de seleção praticado;
- h^2 é a herdabilidade estimada para a característica.

Diferencial de seleção

$$\Delta S = i * \sigma_F \text{ ou } \Delta S = \bar{X}_S - \bar{X}_P$$

, onde:

- ΔS é o diferencial de seleção praticado;
- i é a intensidade de seleção praticada;
- σ_F é o desvio padrão fenotípico;
- \bar{X}_S é a média fenotípica dos selecionados;
- \bar{X}_P é a média fenotípica da população.

Média fenotípica da próxima geração

$$\bar{X}'_p = \bar{X}_p + \Delta G$$

, onde:

- \bar{X}'_p é a média fenotípica da próxima geração;
- \bar{X}_p é a média fenotípica da geração atual;
- ΔG é o ganho genético esperado.

Exercícios de Fixação

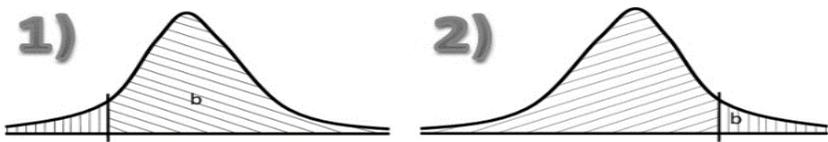
1) Qual símbolo equivale ao ponto de truncamento?

- a) \bar{X}_s b) A c) Z d) X_t e) b

2) Qual símbolo equivale à porcentagem de indivíduos selecionados?

- a) A b) \bar{X}_p c) \bar{X}_s d) b e) Z

Figura 8.1: Diferentes intensidades de seleção.



3) Considerando as figuras acima, pergunta-se, qual a resposta mais se aproxima da figura 1?

- a) Acarreta maior ganho genético na população sob seleção
 b) Corresponde à intensidade de seleção aplicada em touros
 c) Pode ocasionar maior perda de variabilidade genética
 d) Mais próximo da intensidade de seleção em vacas
 e) Pode reduzir o tamanho efetivo e aumentar o incremento da endogamia na população

Em uma população de ovinos Santa Inês com média de 23 Kg para peso ao desmame (PD) e variância fenotípica de 25 Kg², foram selecionados os melhores indivíduos, os quais continham em média 30 Kg para PD. A herdabilidade fornecida pelo melhorista que fez a última avaliação genética e estimação de componentes de variância na propriedade há apenas um ano atrás foi de 0,26. **(Responda as questões 4, 5 e 6)**

4) Qual o valor obtido para o diferencial de seleção? _____

5) Qual o ganho genético esperado? _____

6) Qual é a média de peso ao desmame esperada para a próxima geração? _____

Em uma população de caprinos da raça Boer com média de 20 Kg para peso ao desmame (PD) e variância fenotípica de 16 Kg², foram selecionados os 50% melhores indivíduos para PD. Considere a herdabilidade encontrada em um artigo científico realizado em condições muito semelhantes as do seu sistema ($h^2=0,22$). **(Responda as questões 7, 8 e 9)**

7) Qual o valor obtido para o diferencial de seleção? _____

8) Qual o valor obtido para o ganho genético? _____

9) Qual a média para PD esperada na próxima geração? _____

10) Qual a intensidade de seleção X ? (Faça uma interpolação na figura anterior) _____

09 – Considerações na seleção

Resumo

Na prática a porcentagem de selecionados em ambos os sexos nunca é a mesma, geralmente os machos permitem trabalhar com porcentagens de selecionados muito pequenas em relação às fêmeas. Isso ocorre pois os machos são mais eficientes reprodutivamente podendo gerar um número muito maior de descendentes, sendo comum encontrarmos taxas de descarte superiores a 95% neste sexo. Já as vacas, podem superar nove meses para gestar um filhote, sendo comum encontrar taxas de descarte de no máximo 20% ao ano. Caprinos e ovinos possuem números melhores devido à ocorrência de partos gemelares e sistemas com três partos em dois anos. Em suínos e coelhos discrepância é um pouco menor, pois as fêmeas são mais prolíferas. Em aves, existem alguns programas mais equiparados, chegando a encontrar proporção de um macho para três fêmeas. Diante do exposto é necessário ajustar a metodologia de estimação do ganho genético. Outro ajuste importante a se considerar é o ganho genético anualizado, pois programas de melhoramento genético competem pelos resultados gerados anualmente e não por geração. Dessa forma, quanto maior a capacidade do programa em reduzir o intervalo de tempo gasto entre uma geração e outra, melhores serão seus ganhos anuais. Isso pode lhe conferir maior competitividade, mesmo quando o resultado por geração é inferior aos seus concorrentes.

Palavras-chave: Eficiência reprodutiva; Ganho genético anual; Intervalo entre gerações.

Material Didático

Slides da aula

https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMJEPmcncZPL_nvHA?e=HNKtsN

Vídeos úteis

Parte 1 <https://youtu.be/ceNS3dAP4aE>

Parte 2 <https://youtu.be/J3vN7XmpBTg>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Fórmulas úteis

Diferencial de seleção distintos

$$\Delta G = \left(\frac{\Delta S_{\sigma}}{2} + \frac{\Delta S_{\varphi}}{2} \right) * h^2$$

e

$$\Delta S_{\sigma} = i_{\sigma} * \sigma_F \text{ e } \Delta S_{\varphi} = i_{\varphi} * \sigma_F$$

, onde:

- ΔG é o ganho genético esperado;
- ΔS_{σ} é o diferencial de seleção para os machos;
- ΔS_{φ} é o diferencial de seleção para as fêmeas;
- h^2 é a herdabilidade para a característica;
- i_{σ} é a intensidade de seleção praticada nos machos;
- i_{φ} é a intensidade de seleção praticada nas fêmeas;
- σ_F é o desvio padrão fenotípico da característica.

Ganho genético anual

$$\Delta G_{Anual} = \frac{\Delta G}{t} = \frac{\Delta G i_x \sigma_{F_y} h_x h_y r_{g_{x,y}}}{t_x}$$

, onde:

- ΔG_{anual} é o ganho
- ΔG é o ganho genético esperado por geração;
- t é o intervalo entre gerações.

Exercícios de Fixação

1) Considerando as duas figuras abaixo, marque verdadeiro (V) ou falso (F):

$$\Delta G = \left(\frac{\Delta S_{\sigma}}{2} + \frac{\Delta S_{\varphi}}{2} \right) \cdot h^2 \quad vs \quad \Delta G = \left(\frac{\Delta S_{\sigma} + \Delta S_{\varphi}}{2} \right) \cdot h^2$$

a) As duas formas anteriores apresentam diferença matemática entre si.

b) As duas fórmulas anteriores apresentam diferença filosófica entre si.

c) Justifique as letras **a** e **b**:

Em uma população de bovinos da raça Nelore, com média de 180 Kg de peso vivo aos 12 meses de idade e variância de 225 Kg², foram selecionados 10% dos machos e 80% das fêmeas. Observação: $h^2=0,30$.

2) Qual o diferencial de seleção encontrado para os machos?

3) Qual o diferencial de seleção encontrado para as fêmeas?

4) Qual o ganho genético esperado?

5) Qual a média esperada para a próxima geração?

Uma população de codornas de aptidão para corte possuía média de peso aos 42 dias (P42) de 330 gramas. Considerando mesma intensidade de seleção para machos e fêmeas, e uma média dos selecionados de 370 gramas para P42. Nesta população são feitas 4 gerações por ano e a herdabilidade para P42 é de 0,25.

6) Qual o intervalo entre gerações? _____

7) Qual o diferencial de seleção calculado? _____

8) Qual o ganho genético anual? _____

10 – Revisão e segunda avaliação

Na décima semana de aula está programado uma aula de dúvidas para revisar o aprendizado, seguido da segunda avaliação do aprendizado. Farão parte desta avaliação os conteúdos que foram ensinados nas aulas 6, 7, 8 e 9.

11 – Respostas indiretas

Resumo

Características quantitativas são coordenadas por grande número de genes de baixa magnitude, espalhados pelos cromossomos. Dessa forma, quando selecionamos para uma característica estamos influenciando alterações nas frequências gênicas de outras características com genes próximos dos associados à característica de interesse (ligação gênica), ou mesmo por genes que influenciam ambas as características (pleiotropia). Tais conceitos são de grande importância para prever a resposta correlacionada, ganho ou perda em uma característica quando a seleção é praticada em outra. Outra aplicação importante está na predição do ganho em um período total de produção quando a seleção é praticada em um período parcial. Esse último caso é uma extensão do segundo, visto que o período total pode ser dividido em um período parcial e outro complementar, dessa forma a resposta total à seleção pela produção parcial é uma soma de ganhos diretos do período parcial pela sua própria seleção e ganhos correlacionados no período complementar pela seleção no período parcial.

Palavras-chave: Correlação genética; Resposta correlacionada; Seleção pela produção parcial.

Material Didático

Slides da aula

https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMLsX1J_0rsv1rzCg?e=O2gtSc

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/-bJMkJjUwpE>

Parte 2: <https://youtu.be/9scKVA1vBPY>

Parte 3: <https://youtu.be/tJsDt53SPN4>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Fórmulas úteis

Resposta correlacionada

$$\Delta G_{x,y} = \frac{i_x \sigma_{F_y} h_x h_y r_{g_{x,y}}}{t_x}$$

, onde:

- $\Delta G_{x,y}$ é o ganho genético na característica y, quando a seleção é praticada em x;
- i_x é a intensidade de seleção praticada na característica x;
- σ_{F_y} é o desvio padrão fenotípico estimado para a característica y;
- h_x é a raiz quadrada da herdabilidade estimada para a característica x;
- h_y é a raiz quadrada da herdabilidade estimada para a característica y;
- $r_{g_{x,y}}$ é a correlação genética estimada entre as características x e y;
- t_x é o intervalo entre gerações para a característica x;
- y é a característica que queremos estimar a resposta correlacionada;
- x é a característica que está sob seleção.

Seleção pela produção parcial

$$\Delta G_{T,p} = \frac{i_p \sigma_{F_p} h_p^2 + i_p \sigma_{F_c} h_p h_c r_{g_{p,c}}}{t_c}$$

, onde:

- $\Delta G_{T,p}$ é o ganho genético em **T**, quando a seleção é praticada em **p**;
- i_p é a intensidade de seleção praticada no período parcial (p);
- σ_{F_p} é o desvio padrão fenotípico do período parcial (p);
- h_p^2 é a herdabilidade estimada para o período parcial (p);
- σ_{F_c} é o desvio padrão fenotípico do período complementar (c);
- h_p é a raiz quadrada da herdabilidade estimada para o período parcial (p);
- h_c é a raiz quadrada da herdabilidade estimada para o período complementar (c);
- $r_{g_{p,c}}$ é a correlação genética estimada entre os períodos **p** e **c**;
- t_p é o intervalo entre gerações para o período parcial (p);
- **T** é o período total para o qual queremos estimar a resposta ($T = p + c$);
- **p** é o período parcial, o qual está sob seleção (resposta direta).
- **c** é o período complementar, que não está sob seleção (resposta correlacionada).

Exercícios de Fixação

- 1) O que é resposta correlacionada? (Escolha a opção correta)
- a) Ganho genético obtido na produção total quando a seleção é feita em um período parcial
 - b) Ganho genético obtido em uma característica quando a seleção é praticada nela mesma
 - c) Ganho genético obtido em uma característica quando a seleção é praticada em outra
 - d) Peso fornecido à duas ou mais características quando a seleção é feita em ambas simultaneamente
- 2) Qual dentre as vantagens a seguir não pode ser obtida por utilização de resposta correlacionada?
- a) Pode permitir reduzir o intervalo entre gerações
 - b) Melhoria das condições ambientais e de manejo
 - c) Pode permitir utilizar características mais baratas ou fáceis de selecionar
 - d) Pode permitir obter ganhos em características pós-abate através da seleção de características pré-abate
- 3) Abaixo estão três pontos negativos para resposta correlacionada e uma sentença totalmente incorreta, qual seria a incorreta?
- a) Nem sempre as correlações são favoráveis

- b) [] Correlações favoráveis podem ser alteradas com o tempo por crossing-overs
- c) [] Nunca servirá para reduzir o intervalo entre gerações
- d) [] A eficiência da seleção não sofre influência pelo tanto que as características são herdáveis

4) Informações: Herdabilidade para peso ao abate de 0,22; herdabilidade para largura do ovo de 0,17; intervalo entre gerações de 0,3 anos; correlação genética entre as duas características de 0,48; intensidade de seleção para peso ao abate de 0,95 e variância fenotípica para tamanho do ovo igual a 9 mm^2 . Qual o ganho genético para largura do ovo, quando a seleção é praticada para aumento do peso ao abate das codornas? Em uma população de codornas, se a seleção for praticada para o aumento do peso ao abate dos animais, qual será a mudança esperada para a largura do ovo na próxima geração?

5) Qual sentença explica o que é seleção pela produção parcial?

- a) Ganho genético obtido na produção total quando a seleção é feita em um período parcial
- b) Ganho genético obtido em uma característica quando a seleção é praticada nela mesma
- c) Ganho genético obtido em uma característica quando a seleção é praticada em outra
- d) Peso fornecido à duas ou mais características quando a seleção é feita em ambas simultaneamente

6) Qual a vantagens da utilização da seleção pela produção parcial? (Escolha a opção correta)

- a) Permite aumentar o ganho na geração, mas não altera o ganho genético anual
- b) Aumenta a acurácia do processo seletivo total
- c) Todas as outras opções estão erradas
- d) Permite reduzir o intervalo entre gerações

7) Quais as possíveis desvantagens da seleção pela produção parcial? (Escolha a opção correta)

- a) As herdabilidades dos períodos parcial e complementar são sempre diferentes
- b) Todas as outras opções estão erradas
- c) As correlações entre o período parcial e complementar podem mudar prejudicialmente
- d) Reduz a rentabilidade da atividade por não produzir até o final

8) Um produtor iniciou uma criação de codornas para produção de ovos, sendo estes coletados da 7^a até a 52^a semana de vida destes animais. Como ele utilizava a informação dos ovos produzidos no período total (7-52 semanas), ele tinha de esperar um ano para coletar os ovos para incubar, de forma que o intervalo entre gerações era de 1,1 anos. Por ser um aluno muito aplicado, e está sempre estudando, você viu um artigo em condições semelhantes ao sistema de criação que você ajuda, que trata sobre seleção pela produção parcial (7-32 semanas, intervalo entre gerações de 0,7 anos). Informações do artigo: Herdabilidade para o período parcial = 0,22; herdabilidade para o período complementar = 0,18; herdabilidade para o período total = 0,19; variância fenotípica para número de ovos no período parcial = 64 ovos²; variância fenotípica para número de ovos no período complementar = 25 ovos²; variância fenotípica para número de ovos no período total = 100 ovos²; correlação genética entre os períodos = 0,75 e porcentagem de indivíduos selecionados em qualquer situação = 20%.

a) Qual o ganho genético anual esperado pela seleção através da produção total?

b) Qual o ganho genético anual esperado para produção total se a seleção for praticada na produção parcial?

c) Qual dos dois métodos trará maior ganho genético anual?
Seleção pela produção parcial ou total?

12 – Tamanho efetivo e endogamia

Resumo

Na aula sobre considerações na seleção foi exposto a situação prática de intensidades de seleção distintas para machos e fêmeas. Também foi demonstrado como modificar o cálculo do ganho genético para corrigir essas diferenças. Nesta aula, nossa preocupação como as diferenças entre o número de fêmeas e machos na população não estão ligadas ao ganho genético, mas sim ao incremento da endogamia de uma geração para outra ao utilizar muito poucos animais para seleção. Entenderemos nesta aula que mesmo que o número de animais utilizado para a seleção seja alto, se o desbalanceamento entre os sexos for muito intenso, as taxas de incremento de endogamia serão altas. Esse fenômeno pode ser facilmente compreendido com um exemplo: Suponha uma população grande, com 998 matrizes. Em monta natural, seria improvável termos problemas de endogamia nessa população, mas considerando a possibilidade de utilizar a inseminação artificial, poderíamos encontrar uma situação de utilização de sêmen de apenas dois reprodutores, isso implicaria em um tamanho efetivo de quase oito animais e uma taxa de incremento da endogamia muito alta, de 6,26%. Na próxima geração, se os indivíduos fossem acasalados ao acaso, espera-se que metade dos acasalamentos fossem entre meio irmãos, o que é muito prejudicial ao sistema e indica baixo nível de conhecimento zootécnico para gestão de uma propriedade.

Palavras-chave: Acasalamentos dirigidos; Proporção de machos e fêmeas; Taxa de incremento da endogamia.

Material Didático

Slides da aula

https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMLsX1J_0rsv1rzCg?e=O2gtSc

Vídeos úteis

Parte 1: <https://youtu.be/NokZkqkOWQo>

Parte 2: <https://youtu.be/g9ffn7yqzU8>

Parte 3: <https://youtu.be/snbWqundFHU>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Fórmulas úteis

Tamanho Efetivo:

$$N_e = \frac{4 * N_{\sigma} * N_{\varphi}}{N_{\sigma} + N_{\varphi}}$$

, onde:

- N_e é o tamanho efetivo da população;
- N_{σ} é o número de machos na população;
- N_{φ} é o número de fêmeas na população.

Taxa de incremento da endogamia:

$$\Delta F = \frac{1}{2 * N_e}$$

, onde:

- N_e é o tamanho efetivo da população;
- ΔF é a taxa de incremento da endogamia.

Exercícios de Fixação

1) Suponha que seu pai é produtor rural e possui 60 vacas leiteiras e 3 touros para cobrir essas vacas. Considerando que não são feitos registros genealógicos ainda nessa propriedade e que os acasalamentos são ao acaso. Qual o tamanho real, o tamanho efetivo e a taxa de incremento da endogamia?

2) Você trabalha em uma granja de codornas que utiliza 300 codornas fêmeas e 100 machos por geração. Qual o tamanho real, o tamanho efetivo e a taxa de incremento da endogamia?

3) Em uma fazenda de bovinos de corte contendo 300 matrizes, qual o número de touros necessários para manter a taxa de consanguinidade abaixo de 1%?

4) Em uma fazenda de bovinos de corte, os acasalamentos são feitos sob monta natural, sendo mantido 1 touro para cada 24 vacas. Neste caso, pergunta-se qual o número total de touros e vacas que permitiria um incremento de endogamia inferior a 0,5% por geração?

5) Como o touro Uncreative foi o melhor animal de todo o sumário de avaliação genética da raça, considerando o índice fornecido pelo sumário. O seu chefe resolveu adquirir sêmen deste único animal para realizar IATF em todas as matrizes do rebanho. Alguma crítica?

6) Antes que você pudesse responder a questão anterior, seu chefe encontrou uma “excelente” oportunidade. Um lote grande de bezerras sendo leiloadas, todos filhos do Unbelievable, segundo melhor touro do sumário. Ele agora pensa na possibilidade de adquirir e criar estes animais para serem reprodutores em seu rebanho. Você concorda com seu chefe?

13 – Parentesco e consanguinidade

Resumo

A depressão endogâmica é frequentemente constatada em trabalhos científicos avaliando características quantitativas de interesse econômico em animais. Grande parte dos trabalhos retorna valores lineares de redução na produção de uma característica em função de cada por cento de incremento na taxa de endogamia. Indivíduos consanguíneos são aqueles filhos de pais aparentados, e o cálculo do coeficiente de endogamia equivale à metade do parentesco entre seus pais. Apesar de antigo, o cálculo é muito útil pois viabiliza evitar o surgimento de indivíduos endogâmicos através do planejamento dos acasalamentos. O valor de parentesco também possui aplicações em metodologias de avaliação genética que considerem a covariância genética entre indivíduos, para melhor separar o efeito genético predito para cada animal. Nessas metodologias que ainda estão por ser abordadas, o ambiente geralmente é considerado não correlacionado, enquanto a genética é associada pelo parentesco médio. Mais recentemente, impulsionado pelos avanços tecnológicos na obtenção de marcadores moleculares, que aumentaram em número e reduziram em custos. O parentesco genômico tem sido empregado no lugar do parentesco médio. Isso aumenta a acurácias de animais ainda não provados ao ligá-los aos animais fenotipados através dos marcadores idênticos por estado e não mais apenas genes idênticos por ascendência.

Palavras-chave: Ancestral comum; Idênticos por ascendência; Idênticos por estado.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMVhBh45vPfxCactw?e=hO1vdh>

Vídeos úteis

Parte 1: https://youtu.be/mCb107MEh_c

Parte 2: <https://youtu.be/u0sdzruaECw>

Parte 3: https://youtu.be/E42qpFd_W6c

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Resolução de exercícios

<https://youtu.be/XFflv6srAQA>

Observação: Assista ao vídeo de resolução de exercícios apenas após terminar de resolver a lista de exercícios da próxima página.

Fórmulas úteis

Coefficiente de consanguinidade:

$$F_x = \sum_{a=1}^A \left(\frac{1}{2}\right)^{1+N_\sigma+N_\varphi} * (1 + F_a)$$

, onde:

- F_x é o coeficiente de consanguinidade do indivíduo x;
- A é o número total de ancestrais comuns aos pais de x;
- a é o subíndice referente aos ancestrais comuns;
- N_σ é a distância do pai de x até o ancestral comum a;
- N_φ é a distância da mãe de x até o ancestral comum a;
- F_a é o coeficiente de consanguinidade do ancestral a;

A distância entre dois indivíduos pode ser obtida contando o número de passos entre estes. A exemplo na figura 13.1 existem dois passos a serem contabilizados entre os indivíduos I e A.

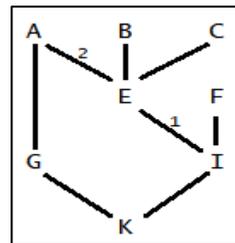
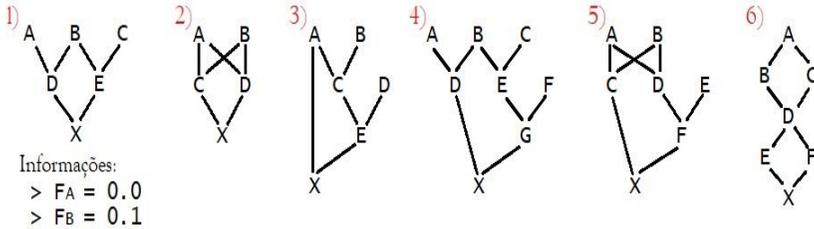


Figura 13.1: Passos.

Exercícios de Fixação

Utilize a Figura 13.1 para resolver os exercícios 1 a 6.



1) Qual o coeficiente de endogamia de X na primeira situação?

2) Qual o coeficiente de endogamia de X na segunda situação?

3) Qual o coeficiente de endogamia de X na terceira situação?

4) Qual o coeficiente de endogamia de X na quarta situação?

5) Qual o coeficiente de endogamia de X na quinta situação?

6) Qual o coeficiente de endogamia de X na sexta situação?

14 – Unidade e métodos de seleção

Resumo

Durante a seleção, nem sempre será possível utilizar a informação do próprio indivíduo, touros por exemplo não produzem leite. Para selecioná-los de forma acurada para essa característica, utilizamos informações de suas filhas. De forma análoga, galos não produzem ovos, mas podemos utilizar os fenótipos coletados em suas irmãs para selecioná-los. Na escolha previa de animais para enviarmos a um teste de progênie, podemos utilizar previamente a informação de ascendentes. Dessa forma a unidade de seleção muda conforme a espécie e características sob seleção. Também é fundamental refletir que a escolha de indivíduos com base em apenas uma característica pode gerar problemas. Vamos supor um programa que selecione os animais apenas para peso ao abate. Essa característica irá aumentar ao longo das gerações, mas não necessariamente o programa avançará, isso porque as demais características não ficam paradas e podem estar sendo afetadas negativamente por resposta correlacionadas. O peso ao nascimento por exemplo poderia estar aumentando constantemente até começarem a ocorrer muitos partos distócicos. A idade ao primeiro parto e o intervalo entre partos poderia estar aumentando, o que reduz a eficiência do sistema produtivo, pois menos bezerros são gerados com o mesmo gasto de manutenção das fêmeas, que pode até aumentar, pois vacas o aumento do peso nos reprodutores implicará em maior custo de manutenção.

Palavras-chave: Seleção dentro de famílias; Seleção entre famílias; Seleção individual.

Material Didático

Slides da aula

<https://1drv.ms/p/s!ArApHE6xtvkgeMi7uDBOmHa7HfuQ?e=7RAhSA>

Vídeos úteis de unidades de seleção

Parte 1: <https://youtu.be/EVbnGDxWWrM>

Parte 2: <https://youtu.be/apjunAXPIYw>

Vídeos úteis de métodos de seleção

Parte 1: <https://youtu.be/7Sb-vNiKYh4>

Parte 2: <https://youtu.be/hMYUMkgRWGA>

Atenção: Os vídeos são complementares e não substituem as aulas presenciais.

Fórmulas úteis

Seleção individual

$$\Delta G_{ind.} = \frac{\Delta S * h^2}{t}$$

*Definições dos termos da fórmula na próxima página.

Seleção entre famílias

$$\Delta G_{ent.} = \frac{\Delta S * h^2}{t} * \frac{1 + (n - 1) * R_{ij}}{\sqrt{[1 + (n - 1) * (R_{ij} * h^2 + c^2)] * n}}$$

*Definições dos termos da fórmula na próxima página.

Seleção dentro de famílias

$$\Delta G_{den.} = \frac{\Delta S * h^2}{t} * (1 - R_{ij}) * \sqrt{\frac{n - 1}{n * (1 - R_{ij} * h^2 - c^2)}}$$

*Definições dos termos da fórmula na próxima página.

Seleção pela informação do ascendente

$$\Delta G_{asc.} = \frac{\Delta S * h^2}{t} * R_{ij} * \sqrt{\frac{n}{1 + (n - 1) * r}}$$

, sendo $r = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{MP}^2}{\sigma_F^2}$

*Definições dos termos da fórmula na próxima página.

Seleção pela informação das progênes

$$\Delta G_{asc.} = \frac{\Delta S * h^2}{t} * \sqrt{\frac{n}{4[1 + (n - 1) * (R_{ij} * h^2 + c^2)]}}$$

*Definições dos termos da fórmula na próxima página.

Seleção pela informação das irmãs

$$\Delta G_{asc.} = \frac{\Delta S * h^2}{t} * \sqrt{\frac{n}{1 + (n - 1) * (R_{ij} * h^2 + c^2)}}$$

*Definições dos termos da fórmula na próxima página.

Termos das fórmulas

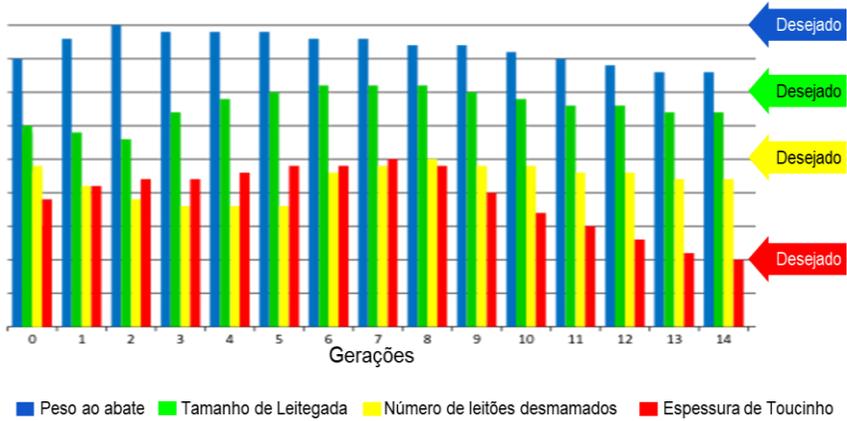
- ΔG_{anual} é o ganho genético anual;
- ΔS é o diferencial de seleção praticado;
- i é a intensidade de seleção praticada;
- σ_F é o desvio padrão fenotípico da característica;
- h^2 é a herdabilidade para a característica selecionada;
- t é o intervalo entre gerações praticado.
- r é a estimativa da repetibilidade:
- σ_G^2 é a variância genotípica;
- σ_{MP}^2 é a variância de meio permanente;
- σ_F^2 é a variância fenotípica.
- n = número de observações;
 - Número de irmãos considerados;
 - Número de ascendentes considerados;
 - Número de descendentes considerados.
- R_{ij} = coeficiente de parentesco;
 - $R_{ij} = 0,25 \rightarrow$ Em famílias de meio irmãos;
 - $R_{ij} = 0,50 \rightarrow$ Em famílias de irmãos completos.
- c^2 = correlação de meio dentro da família¹.

Observações: ¹A correlação intraclasse pode ser necessária quando o ambiente de criação dos irmãos é comum, havendo dependência das variâncias ambientais. A exemplo leitões e láparos até o desmame.

Esquemas úteis

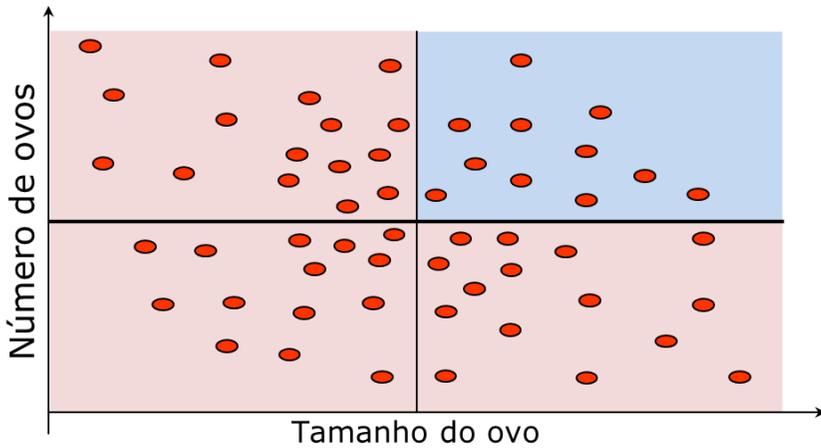
Método tandem

Figura 14.1



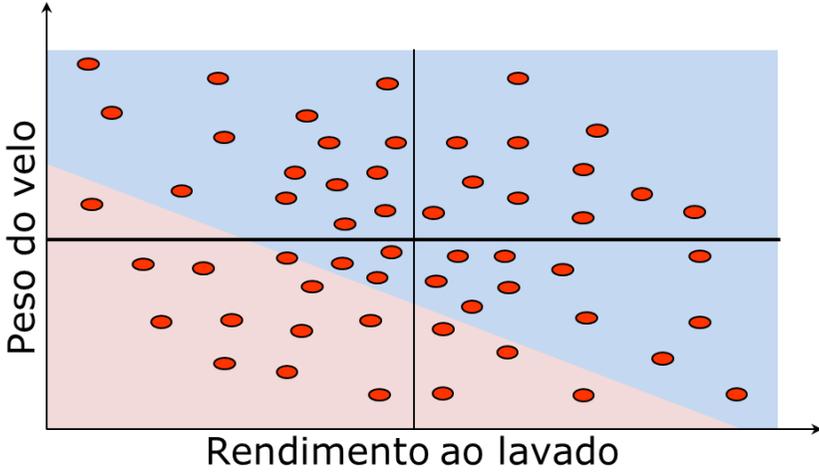
Níveis independentes de eliminação

Figura 14.2



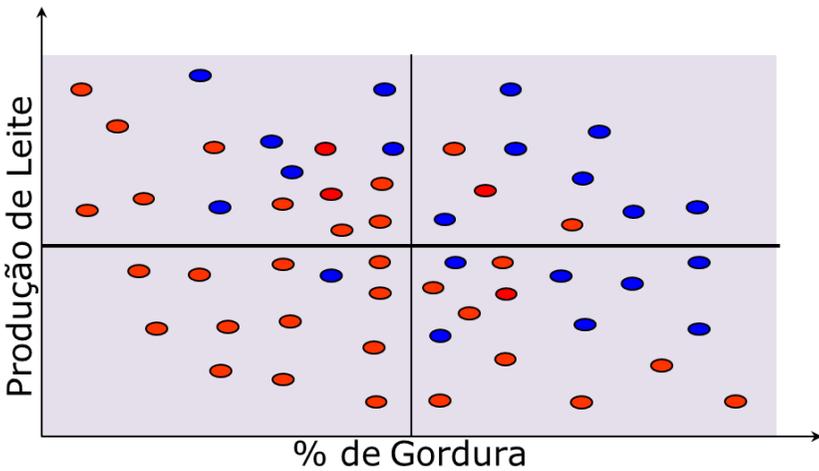
Índice de seleção

Figura 14.3



Melhor Predição Linear Não-Viesada

Figura 14.4



Exercícios de Fixação

Parte 1 – Tipos de unidades de seleção

01) Defina seleção individual:

02) Defina seleção entre famílias:

03) Defina seleção dentro de famílias:

04) Indique o tipo de unidade de seleção em cada situação. Utilize [I] para Individual, [E] para seleção entre famílias e [D] para seleção dentro de famílias.

a) Após formar em Zootecnia você retornou para casa para trabalhar com seus pais na atividade da pecuária leiteira, como o rebanho dos seus pais não é muito grande.

b) Você foi contratado por uma empresa que lhe disponibilizou uma amostra de uma linhagem guardada a sete chaves. Seu chefe lhe incumbiu de fazer o melhoramento de forma rápida para tornar essa linhagem competitiva o suficiente para ganhar da última linhagem lançada pela empresa concorrente.

[] c) Você foi contratado por uma grande empresa, cujo sua tarefa é supervisionar a seleção de frangos para produção de ovos.

Informações para responder os exercícios 5, 6 e 7: Considere um população com intervalo entre gerações de 0,8 anos, porcentagem de indivíduos selecionados igual a 40%, variância genética aditiva estimada de 16 Kg^2 enquanto a variância fenotípica estimada foi de 100 Kg^2 , o número de leitões por família é de 12, a correlação de meio foi estimada em 0,12 e os membros de uma mesma família são irmão completos.

05) Qual seria o ganho genético se a seleção fosse praticada individualmente?

06) Qual seria o ganho genético se a seleção fosse praticada entre famílias?

07) Qual seria o ganho genético se a seleção fosse praticada dentro de famílias?

Parte 2 – Métodos de seleção para características múltiplas

01) Descreva em que consiste o método de seleção em Tandem.

02) Descreva em que consiste o método de seleção por níveis independentes de eliminação.

03) Descreva em que consiste o método índice de seleção.

04) Descreva em que consiste o método de seleção pelo BLUP.

05) Qual a desvantagem do método Tandem?

06) Qual a desvantagem do método níveis independentes de eliminação?

07) Qual a desvantagem do método de índice de seleção?

08) Qual a desvantagem do método de seleção através do BLUP?

15 – Revisão e terceira avaliação

Na décima quinta semana de aula está programado uma aula de dúvidas para revisar o aprendizado, seguido da terceira avaliação do aprendizado. Farão parte desta avaliação os conteúdos que foram ensinados nas aulas 11, 12, 13 e 14.

BIBLIOGRAFIA

Considerações

Neste tópico serão disponibilizados não apenas artigos e livros citados, mas também bibliografias úteis no aprendizado e aprimoramento dos conhecimentos em melhoramento genético animal.

As referências de artigos científicos mais antigos, contemplam trabalhos célebres que fundamentam toda a teoria do melhoramento animal utilizado até os dias de hoje.

Esperasse que essas referências permitam ao leitor interessado, buscar sobre a origem dos principais conceitos e ferramentas de melhoramento, bem como aprimorar seus conhecimentos lógicos e matemáticos sobre o tema.

As referências de artigos científicos mais novos, contemplam trabalhos nacionais publicados em inglês ou português, mas que utilizam algum conhecimento, ferramenta ou aplicação de conhecimentos.

Essas referências permitirão ao leitor interessado, verificar diferentes aplicações das principais ferramentas de melhoramento animal. Podem servir como banco de ideias para futuras pesquisas de iniciação científica, mestrado e ou doutorado.

As referências de livros contemplam publicações organizadas de forma mais didática, viabilizando a compreensão de temas que não são elucidados de forma prática nos artigos científicos.

Tais referências permitirão aos leitores interessados, buscar conhecimentos em outras fontes que poderão ter linguagem mais próxima do leitor ou esquemas mais didáticos na transmissão do conhecimento de melhoramento animal.

Livros disponíveis gratuitamente online

LOPES, P.S. **Teoria do melhoramento animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 2005. 118p.: il. – Inclui bibliografia ISBN: 85-87144-21.

Acesso em 22/07/2020, disponível em:

<https://www.google.com/search?q=teoria+do+melhoramento+animal&oq=teoria+do+melhoramento+animal&aqs=chrome..69i57j69i59l3j0j69i60l3.3910j7&sourceid=chrome&ie=UTF-8>

ROSA, A.N.; MARTINS. E.N.; MENEZES, G.R.O.; SILVA, L.O.C. **Melhoramento genético aplicado em gado de corte**: Programa Geneplus-Embrapa. Campo Grande – MS. 2013. 241p. ISBN: 978-85-7035-256-9.

Acesso em 22/07/2020, disponível em:

<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/980414/melhoramento-genetico-aplicado-em-gado-de-corte-programa-geneplus-embrapa>

Livros disponíveis na biblioteca setorial

PEREIRA, J.C.C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 4. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ, c2004. iv, 609 p. ISBN 9788587144126.

KINGHRONR, B.; VAN DER WERF, J.; RYAN, M. **Melhoramento Animal - Uso de Novas Tecnologias**. FEALQ, 2006. 367 P. ISBN 8571330425.

LUSH, J.L. **Melhoramento genético dos animais domésticos**. Rio de Janeiro: USAID, 1964. 570p. 3°

Queiroz, S.A. **Introdução ao melhoramento genético de bovinos de corte**. Guaíba, RS: Agrolivros, 2012. 152 p. ISBN 9788598934129.

SILVA, J.C.P.M.; VELOSO, C.M. **Melhoramento genético do gado leiteiro**. Viçosa, MG: Aprenda Fácil, 2011. 111 p. ISBN 9788562032301.

Outros livros interessantes

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

Alguns artigos científicos célebres

BAKER, R.J. Selection indexes without economic weights for animal breeding. **Canadian Journal of Animal Science**. v. 54, p. 1-8, 1974.

EMIK, L.O.; TERRIL, C.R. Systematic procedures for calculating inbreeding coefficients. **Journal of Heredity**. 40, 1949.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**. v. 28, p. 476-490, 1943.

HENDERSON, C.R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in the prediction of breeding values. **Biometrics**. v. 32, p. 69 – 83, 1976.

MEUWISSEN, T.H.E.; HAYES, B.J.; GODDARD, M.E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. **Genetics**. v. 157, p. 1819-1829, 2001.

MISZTAL, I.; LEGARRA, I.; AGUILAR, I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. **Journal of Dairy Science**. v. 92, n. 9, p. 4648-4655, 2009.

QUAAS, R.L. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. **Biometrics**. v. 32, n. 4, p. 949-953, 1976.

SMITH, F.H. 1936. A discriminate function for plant selection. **Ann. Eugen.** v. 7, p. 240–250, 1936.

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

Artigos científicos de pesquisas nacionais aplicadas

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R.; SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.G.; SOUSA, M.F. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia** (Online), v. 40, p. 765-771, 2011.

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.G.; SOUSA, M.F.; LEITE, C.D.S.; SILVA, L.P.; CAETANO, G.C. Heterogeneidade de variância residual em modelos de regressão aleatória na descrição do crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia** (Online), v. 40, p. 2129-2134, 2011.

BRITO, L.F.; SILVA, F.G.; MELO, A.L.P.; CAETANO, G.C.; TORRES, R.A.; RODRIGUES, M.T.; MENEZES, G.R.O. Genetic and environmental factors that influence production and quality of milk of Alpine and Saanen goats. **Genetics and Molecular Research**, v. 10, p. 3794-3802, 2011.

BRITO, L.F.; SILVA, F.G.; OLIVEIRA, H.R.; SOUZA, N.; CAETANO, G.; COSTA, E.V.; MENEZES, G.R.O.; MELO, A.L.P.; RODRIGUES, M.T.; TORRES, R.A. Modelling lactation curves of dairy goats by fitting random regression models using Legendre polynomials or B-splines. **Canadian Journal of Animal Science**, v. 1, p. 1, 2017.

FREITAS, F.B.; ARAÚJO, C.V.; MENEZES, F.L.; SILVA, F.G.; ARAÚJO, S.I.; VENTURA, H.T. Genetic associations between visual scores, body weight and age at first calving in nellore breed cattle. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária E Zootecnia** (ONLINE), v. 72, p. 955-960, 2020.

MELO, A.L.P.; TORRES, R.A.; RIBEIRO JR., J.I.; SILVA, F.F.; RODRIGUES, M.T.; SILVA, F.G.; BRITO, L.F. Identificação e modelagem da autocorrelação residual no ajuste do modelo de Wood às curvas de lactação de cabras. **Ciência Rural** (UFSM. Impresso), v. 41, p. 1818-1822, 2011.

MENEZES, G.R.O.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R.; RODRIGUES, M.T.; BRITO, L.F.; LOPES, P.S.; SILVA, F.G. Modelos de regressão aleatória na avaliação da produção de leite em cabras da raça Saanen. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 40, p. 1526-1532, 2011.

MENEZES, G.R.O.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R.; RODRIGUES, M.T.; MELO, A.L.P.; SILVA, F.G.; BRITO, L.F. Avaliação de medidas da persistência da lactação de cabras da raça Saanen sob modelo de regressão aleatória. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, p. 1691-1698, 2010.

SILVA, F.G.; TORRES, R.A.; SILVA, L.P.; VENTURA, H.T.; SILVA, F.F.; CARNEIRO, A.P.S.; NASCIMENTO, M.; RODRIGUES, M.T. Genetic evaluation of milk yield in Alpine goats for the first four lactations using random regression models. **Genetics and Molecular Research**, v. 13, p. 10943-10951, 2014.

SILVA, F.G.; TORRES, R.A.; BRITO, L.F.; SILVA, L.P.; MENEZES, G.R.O.; BRITO, L.C.; RODRIGUES, M.T.; EUCLYDES, R.F. Genetic evaluation of Alpine goats using different milk control intervals. **Genetics and Molecular Research**, v. 12, p. 2455-2464, 2013.

SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; CRISPIM, A.C.; SILVA, F.G.; BONAFÉ, C.M.; SILVA, F.F.; TORRES, R.A. Genetic parameters of body weight and egg traits in meat-type quail. **Livestock Science (Print)**, v. x, p. 1-6, 2013.

SILVA, M.R.; ARAÚJO, C.V.; PIRES, A.V.; PAULA, E.J.H.; Ferreira, E.B.; SILVA, F.G. Curva de crescimento de

codornas de corte por meio de modelos de regressão não-lineares. **Archives of Veterinary Science**, v. 21, p. 26-34, 2016.

TEIXEIRA, B.B.; EUCLYDES, R.F.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, L.P.; TORRES, R.A.; SILVA, F.G.; LEHNER, H.G.; CAETANO, G.C. Herdabilidade de características de produção e postura em matrizes de codornas de corte. **Ciência Rural** (UFSM. Impresso), v. 43, p. 361-365, 2013.

TEIXEIRA, B.B.; MOTA, R.R.; LÔBO, R.B.; SILVA, L.P.; SOUZA CARNEIRO, A.P.; SILVA, F.G.; CAETANO, G.C.; SILVA, F.F. Genetic evaluation of growth traits in Nellore cattle through multi-trait and random regression models. **Czech Journal of Animal Science**, v. 63, p. 212-221, 2018.

TABELAS

As tabelas 1 e 2 trazem as porcentagens de selecionados (b), as porcentagens de indivíduos mantidos (A), o ponto de truncamento em desvios padrões (t), a altura da ordenada no ponto de truncamento (Z) e a intensidade de seleção (i).

Tabela 1: Valores referentes a distribuição normal padrão para porcentagem de selecionados entre 1% e 25%.

b	A	t	Z	i
1%	99%	2,3263	0,0267	2,6652
2%	98%	2,0537	0,0484	2,4209
3%	97%	1,8808	0,0680	2,2681
4%	96%	1,7507	0,0862	2,1543
5%	95%	1,6449	0,1031	2,0627
6%	94%	1,5548	0,1191	1,9854
7%	93%	1,4758	0,1343	1,9181
8%	92%	1,4051	0,1487	1,8583
9%	91%	1,3408	0,1624	1,8043
10%	90%	1,2816	0,1755	1,7550
11%	89%	1,2265	0,1880	1,7094
12%	88%	1,1750	0,2000	1,6670
13%	87%	1,1264	0,2115	1,6273
14%	86%	1,0803	0,2226	1,5898
15%	85%	1,0364	0,2332	1,5544
16%	84%	0,9945	0,2433	1,5207
17%	83%	0,9542	0,2531	1,4886
18%	82%	0,9154	0,2624	1,4578
19%	81%	0,8779	0,2714	1,4282
20%	80%	0,8416	0,2800	1,3998
21%	79%	0,8064	0,2882	1,3724
22%	78%	0,7722	0,2961	1,3459
23%	77%	0,7388	0,3036	1,3202
24%	76%	0,7063	0,3109	1,2953
25%	75%	0,6745	0,3178	1,2711

Tabela 2: Valores referentes a distribuição normal padrão para porcentagem de selecionados entre 26% e 50%.

b	A	t	Z	i
26%	74%	0,6433	0,3244	1,2476
27%	73%	0,6128	0,3306	1,2246
28%	72%	0,5828	0,3366	1,2022
29%	71%	0,5534	0,3423	1,1804
30%	70%	0,5244	0,3477	1,1590
31%	69%	0,4959	0,3528	1,1380
32%	68%	0,4677	0,3576	1,1175
33%	67%	0,4399	0,3621	1,0974
34%	66%	0,4125	0,3664	1,0777
35%	65%	0,3853	0,3704	1,0583
36%	64%	0,3585	0,3741	1,0392
37%	63%	0,3319	0,3776	1,0205
38%	62%	0,3055	0,3808	1,0020
39%	61%	0,2793	0,3837	0,9838
40%	60%	0,2533	0,3863	0,9659
41%	59%	0,2275	0,3887	0,9482
42%	58%	0,2019	0,3909	0,9307
43%	57%	0,1764	0,3928	0,9135
44%	56%	0,1510	0,3944	0,8964
45%	55%	0,1257	0,3958	0,8796
46%	54%	0,1004	0,3969	0,8629
47%	53%	0,0753	0,3978	0,8464
48%	52%	0,0502	0,3984	0,8301
49%	51%	0,0251	0,3988	0,8139
50%	50%	0,0000	0,3989	0,7979

Tabela 3: Valores referentes a distribuição normal padrão para porcentagem de selecionados entre 51% e 75%.

b	A	T	Z	i
51%	49%	0,0251	0,3988	0,7820
52%	48%	0,0502	0,3984	0,7662
53%	47%	0,0753	0,3978	0,7506
54%	46%	0,1004	0,3969	0,7351
55%	45%	0,1257	0,3958	0,7196
56%	44%	0,1510	0,3944	0,7043
57%	43%	0,1764	0,3928	0,6891
58%	42%	0,2019	0,3909	0,6740
59%	41%	0,2275	0,3887	0,6589
60%	40%	0,2533	0,3863	0,6439
61%	39%	0,2793	0,3837	0,6290
62%	38%	0,3055	0,3808	0,6141
63%	37%	0,3319	0,3776	0,5993
64%	36%	0,3585	0,3741	0,5846
65%	35%	0,3853	0,3704	0,5698
66%	34%	0,4125	0,3664	0,5552
67%	33%	0,4399	0,3621	0,5405
68%	32%	0,4677	0,3576	0,5259
69%	31%	0,4959	0,3528	0,5113
70%	30%	0,5244	0,3477	0,4967
71%	29%	0,5534	0,3423	0,4821
72%	28%	0,5828	0,3366	0,4675
73%	27%	0,6128	0,3306	0,4529
74%	26%	0,6433	0,3244	0,4383
75%	25%	0,6745	0,3178	0,4237

Tabela 4: Valores referentes a distribuição normal padrão para porcentagem de selecionados entre 76% e 99%.

B	A	t	Z	i
76%	24%	0,7063	0,3109	0,4090
77%	23%	0,7388	0,3036	0,3943
78%	22%	0,7722	0,2961	0,3796
79%	21%	0,8064	0,2882	0,3648
80%	20%	0,8416	0,2800	0,3500
81%	19%	0,8779	0,2714	0,3350
82%	18%	0,9154	0,2624	0,3200
83%	17%	0,9542	0,2531	0,3049
84%	16%	0,9945	0,2433	0,2897
85%	15%	1,0364	0,2332	0,2743
86%	14%	1,0803	0,2226	0,2588
87%	13%	1,1264	0,2115	0,2432
88%	12%	1,1750	0,2000	0,2273
89%	11%	1,2265	0,1880	0,2113
90%	10%	1,2816	0,1755	0,1950
91%	9%	1,3408	0,1624	0,1785
92%	8%	1,4051	0,1487	0,1616
93%	7%	1,4758	0,1343	0,1444
94%	6%	1,5548	0,1191	0,1267
95%	5%	1,6449	0,1031	0,1086
96%	4%	1,7507	0,0862	0,0898
97%	3%	1,8808	0,0680	0,0701
98%	2%	2,0537	0,0484	0,0494
99%	1%	2,3263	0,0267	0,0269